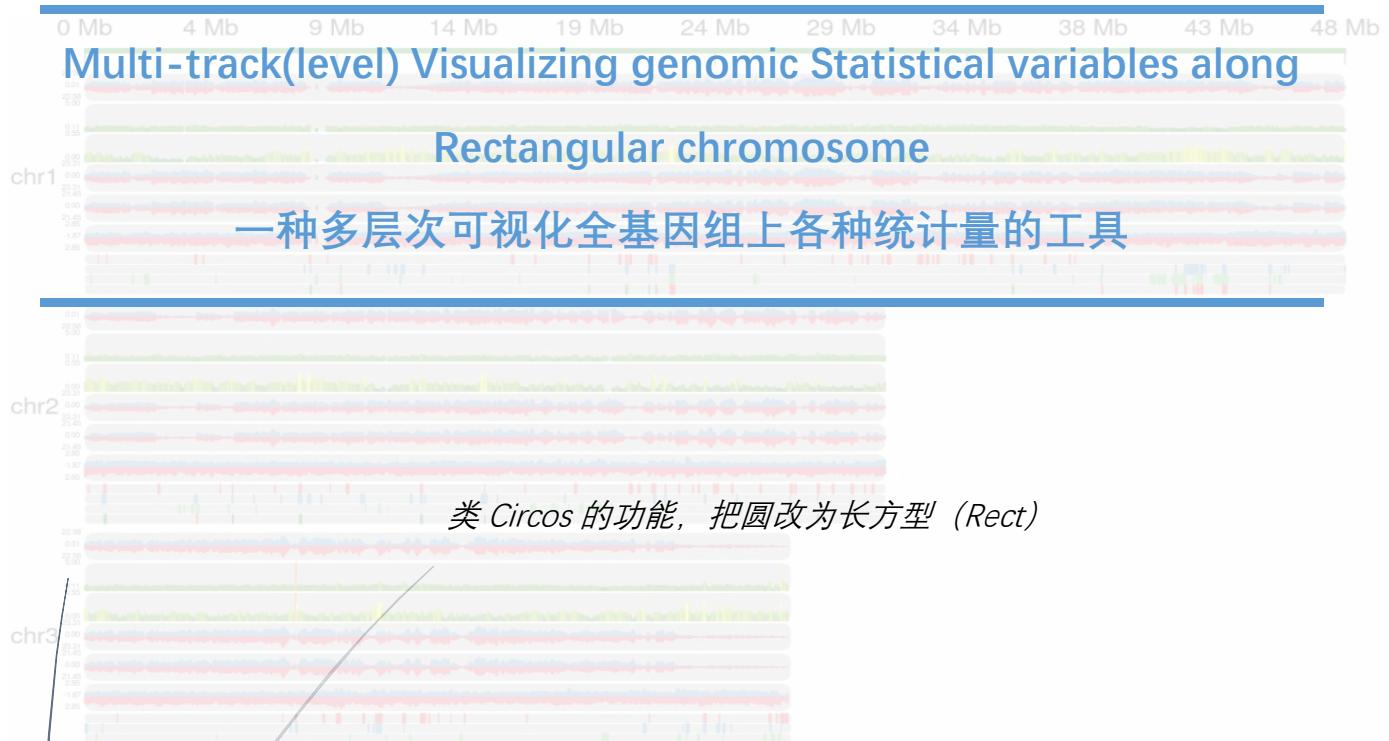


使用手册

RectChr

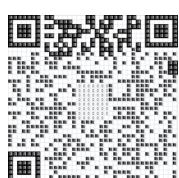


Version 1.42 使用说明文档

2025-10-06

hewm2008@gmail.com / hewm2008@qq.com

微信 打赏



QQ 入群: 125293663



微信公众号



目录

RectChr.....	0
1.简介	1
各版本新功能	2
2.功能简介	2
3.作图方式示例	3
3.1 heatmap 作图示例.....	4
示例 1.....	4
示例 2.....	4
3.2 histogram 作图示例	5
示例 1.....	5
示例 2.....	6
示例 3.....	6
3.3 scatter(point) 作图示例	6
示例 1.....	6
示例 2.....	7
3.4 lines 作图示例	7
示例 1.....	7
示例 2.....	8
示例 3.....	8
3.5 highlights 作图示例.....	8
示例 1.....	8
示例 2.....	9
3.6 text 作图示例.....	9
示例 1.....	9
示例 2.....	10
3.7 shape 作图示例	11
示例 1.....	11
示例 2.....	11
3.8 ridgeline 作图示例.....	12
示例 1.....	12
3.9 pairwiselink 作图示例	13
示例 1.....	13
示例 2.....	13
示例 3.....	14
3.10 LinkS 作图示例	14
示例 1.....	14
3.11 heatmapAnimated 作图示例	15
示例 1.....	15
3.12 histAnimated 作图示例	16
示例 1.....	16
4 应用场景示例.....	16
4.1 SNP/gene/GC 等密度图	16

4.2 T2T 基因组画	17
4.3 个体 BinMap+maker 画图	18
4.4 多区域多样品 群体 BinMap	19
4.5 单区域多样品 群体 RegionHaplotype	20
4.6 组装深度覆盖图	21
4.7 遗传统计量等联合作图	21
4.8 高级感的 GWAS 的 Manhattan 图	22
4.9 局部放大功能 (zoom_region) 基因组局部	23
5.其它设置解说	24
5.1 RectChr 之颜色细讲	24
5.2 RectChr 之图例 legend 排布	25
5.3 RectChr 之 chr 边缘曲度细讲	26
5.4 RectChr 之 X 坐标轴 细讲	27
5.5 RectChr 之画布设置	28
6. 下载与安装	29
6.1 下载网址	29
6.2 预先安装	29
6.3 安装	29
7. 用法和参数说明	30
7.1 RectChr 参数	30
7.1.1 主要配置参数	30
7.1.2 其它配置参数	31
7.2 输入文件	33
7.2.1 数据文件(必须)	33
7.2.2 配置颜色(可选)	33
7.3 输出文件	35
8.实例	35
9.优势	36
10.常见问题	36
10.1 RectChr 参数变化 凝问	36
10.2 坐标轴 取消 或者 自定义梯度	36
10.3 text 文本颜色 or hightline 等颜色自不想渐变? 如何设	37
10.4 对 line, point 和 hist 等而言, 可以画坐标轴的标吗?	37
10.5 画遗传图谱的 maker 如何打穿背景。	37
10.6 画 text 数据集中在同一区域, 是如何解决文字重叠的问题。	37
10.7 chr 长度不对, or 要画全所有 chr?	38
10.8 统一图例的值	38
10.9 联系与打赏	39

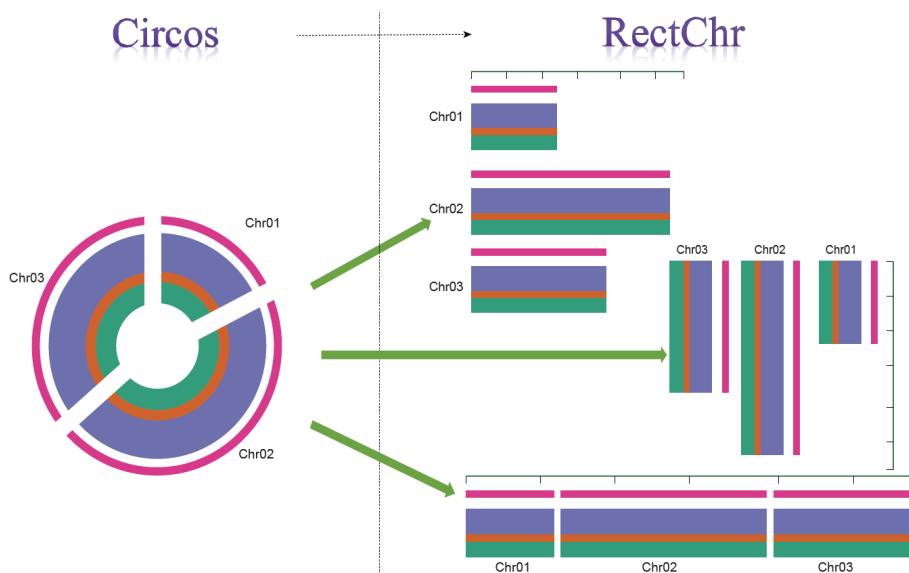
1.简介

[RectChr](#) 是一款聚焦于染色体 (Chr) 水平的多层次可视化工具。它借助丰富多样的可视化元素，包括点、形状、线、柱状图、热图、高亮显示、文本、彩虹链接、自连接、动态热图、动态直方图、山脊线等，并巧妙结合颜色运用【点(scatter/point)、形状(shape)、线(line)、柱状图(histogram)、热图(heatmap/highlights)、高亮显示(heatmap/highlights)、文本(text)、山脊线(ridgeline)、彩虹链接(PairWiseLink)、自连接(LinkS)、动态热图(heatmapAnimated)、动态直方图(histAnimated)形式】，对各类统计变量进行直观呈现，从而实现对各染色体上不同区域统计量的可视化展示。用户能够通过这一工具，快速且直观地洞察数据规律、识别分析结果。

该工具的一大显著优势在于其高度的灵活性。用户可以根据自身需求自由组合各种可视化元素，并对相关参数进行自主修改。其使用方式与经典的 [circos](#) 工具极为相似，但又有所创新。[circos](#) 能够实现的可视化效果，[RectChr](#) 同样可以达成，不同之处在于 RectChr 将传统的圈圈图形式转变为长方形（既可以横向放置，也能纵向排列）。除此之外，用户还能自行搭配各层颜色等样式。[简单点说 circos 可以画的，这儿均可以画，只是把圈圈图改为长方型的\(可横放可纵排\)](#)

不仅如此，RectChr 还提供了一些默认配置，进一步简化了使用流程。例如，在处理 SNP GC 密度这类常见分析时，用户只需直接输入相关文件，就能轻松完成可视化操作，真正做到了简单易用。

程序是给一些有基础的生信朋友用的，若是小白看不懂就算了。



[程序提供了 10 不同的应用场景实例之后，知乎专栏](#)也收集了一些用户的配置和说明。

各版本新功能

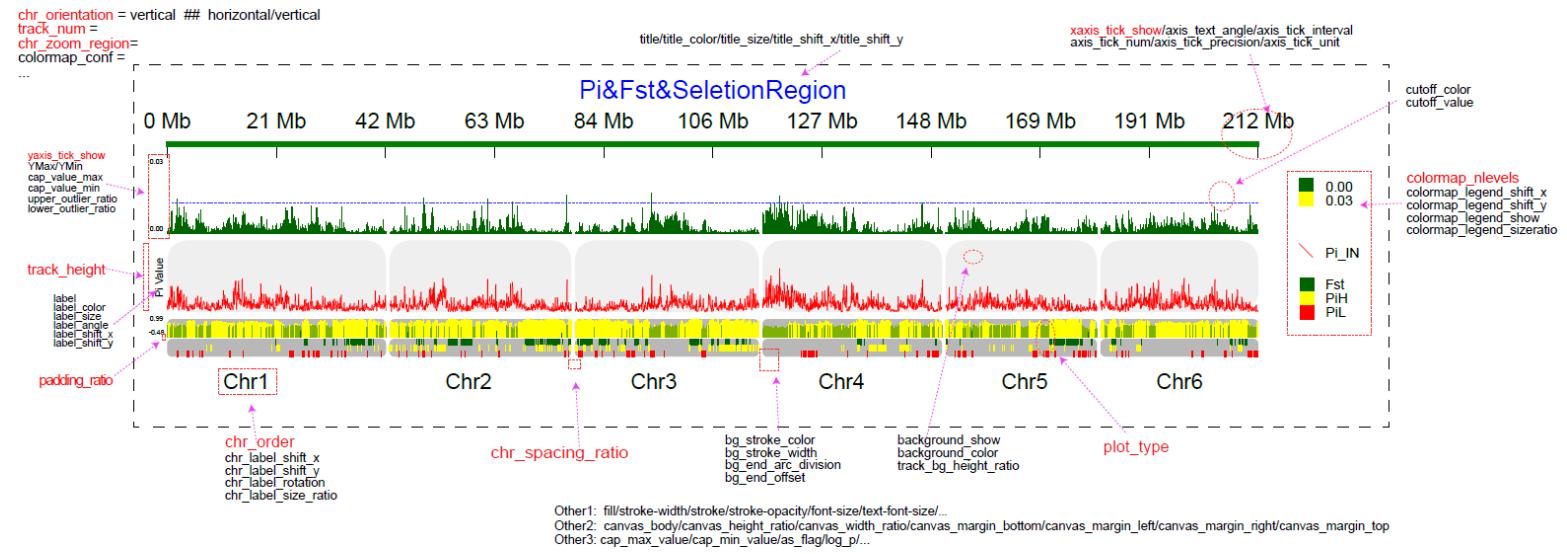
- A. 1.29 RectChr 之 [新功能 颜色画版 ColorBrewer](#) 添加配色画版
- B. 1.30 fix 1.29 引进来, 在特别数据 *TopVHigh/TopVLow* 要手动特别设, 否则报错的 bug
- C. 1.31 添加了 新的作图方式 [shape 功能](#), 可以共[画 12 种图形](#)
- D. 1.33 添加了 新的作图方式 *ridgeline* , 即山脊线功能. [点击可查看新功能说明。](#)
- E. 1.35 添加了 *zoom_region* 放大只看某一区域的功能, 具[体点击这儿查看新的功能。](#)
- F. 1.39 a: 全新参数, 提供 [ParaOld2New.pl](#) 可以将 old 配置转到新的配置中
b: shape 功能 提供多左半圆和右半圆
c: 添加 *track_shift_y* 可以让同一图层 画多种 *plot_type*.
- G. 1.41 legend 添加共 13 排布方式

2. 功能简介

RectChr 具备丰富且灵活的可视化功能, 以下其简单介绍其功能:

- 1) 染色体布局自定义: 您能够自由设定染色体的放置方向(*chr_orientation*)和顺序(*chr_order*) 可选横向(horizontal) 或纵向(vertical)。同时, 还可自行定义染色体之间的间隙(*padding_ratio*)、各层高度(*track_height*) 以及背景颜色(*background_color*) 等。
- 2) 多层绘图结构: 每条染色体可定义多层结构, 层数由 *track_num*(level) 确定, 且各层能采用不同的绘图展示方式。
- 3) 多样化绘图方式: 提供 12 种绘图类型(*plot_type*), 包括点(scatter/point)、形状(shape)、线(line)、柱状图(histogram)、热图(heatmap)、高亮显示(highlights)、文本(text)、山脊线(ridgeline)、彩虹链接(PairWiseLink)、自连接(LinkS)、动态热图(heatmapAnimated) 和动态直方图(histAnimated), 满足不同的可视化需求。
- 4) 颜色与数据范围调整: 支持对[颜色画板](#) (如 *colormap_brewer_name*)、[颜色渐变](#)和等分(*colormap_nlevels*) 进行自定义修改。同时, 可对数据的高低范围进行限制, 例如通过 *YMax*、*upper_outlier_ratio*、*cap_max_value* 等参数。
- 5) 统一输入格式: 输入格式统一, 指定统计量十分简便, 如 *show_columns = File2:4*, 其中前三列代表所在区域, File2:4 用第二个文件的第四列用作图统计量。
- 6) 区域放大功能: 使用 *zoom_region* 参数, 能够实现放大查看特定区域的功能, 便于聚焦细节。
- 7) 参数开放定制: 所有参数均对外开放, 用户可根据需求对细节进行自主修改。
- 8) ...

下面是一些控制参数示意图：



一些重要参数 标红。

3. 作图方式示例

这儿示例一些基础用法教程，具体相关数据和配置见软件的 **Basic_Tutorials** 里面各个目录.

下面是 12 种作图方式简单列表讲解：

顺序	绘图类型	plot_type	说明	示例图(Basic_Tutorials)	位置
1	热图	heatmap	用颜色深浅来表示数据密度或数值大小的图表，能直观呈现数据的分布和变化趋势。常用于展示基因表达量、SNP密度等数据。		example01
2	柱状图	histogram	以柱状图为变量的统计图表，通过柱子的高度和颜色来展示数据的数量、频率等统计量。常用于比较不同类别之间的数据差异(两个群体的pi)		example02
3	点	scatter/point	用点的高低和颜色来表示变量大小的图表，每个点代表一个数据点。可用于发现数据的分布模式、异常值以及变量之间的相关性，如GWAS。		example03
4	线	line	通过线条连接各个数据点，展示数据随在chr上各区域的变化趋势。常用于分析数据的连续性变化，如Fst等。		example04
5	高亮显示	highlights	对特定的数据区域或元素进行突出显示颜色，使其在图表中更加醒目，便于用户关注关键信息。如看丝粒和区域。		example05
6	文本	text	在图表中添加文字说明(可带颜色)，用于标注数据点、解释图表含义、提供额外信息等。增强图表的可读性和可理解性。		example06
7	形状	shape	用形状(如圆形、方形、三角形等共15种)来表示数据、形状的类型、颜色属性可对应不同的数据特征。能以独特的方式展示数据信息。		example07
8	山脊线	ridgeline	一种特殊的可视化图表，将多个分布曲线堆叠在一起，类似山脉的山脊，用于比较多个分布的形状、中心位置和离散程度。		example08
9	彩虹链接	pairwiselink pairwiselinkV2	用于展示chr上两个点中数据对象之间的关联关系，通常用贝塞尔曲线条连接相关对象，线条的颜色、高低等可表示关联的强度或其他属性。		example09
10	自连接	LinkS	用于展示chr两个区域中数据对象之间的关联关系，通常用彩色的线条连接相关对象，线条的颜色、高低等可表示关联的强度或其他属性。		example10
11	动态热图	heatmapAnimated	动态热图，在 SVG 文件中 heatmap 颜色随时间变化，能够动态展示数据在不同时间点(状态)的分布和变化情况。较少用到	见 exampleX本地浏览器打开其svg	example11
12	动态直方图	histAnimated	动态的柱状图，在 SVG 文件中柱子的高度或颜色随时间变化，可用于展示数据随时间(状态)的动态变化过程。较少用到	见 exampleX本地浏览器打开其svg	example12
13	其它	OthersNA	若输入的绘图类型不是关键词，则不进行绘图，仅显示背景条，起到占位和区分的作用。		-

在这为了显示区别这些绘图类别的差异，在 **Basic_Tutorials** 以 **track_num=1** (circos 的几个圈) 一层为主，示例一些基础用法和教程，具体相关数据和配置见软件的 **Basic_Tutorials** 里面各个 **example** 目录.

3.1 heatmap 作图示例

示例 1

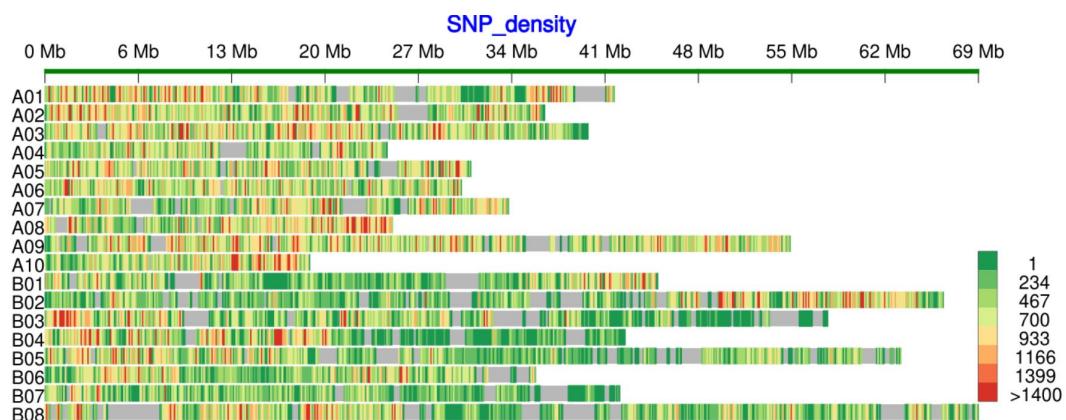
输入文件格式: [#Chr Start End Flag] , 共四列, 其中 Flag 列为这个区域的统计量的值, 可以为整数可以为小数可以为字符串 . 其中下面图的都是用 binbox 可以用颜色表示大小数。密度图:

- 1 Chr 纵列排, 默认 *chr_orientation=vertical*
- 2 几层 (circos 的几个圈), *track_num =1*, 默认根据文件列数目
- 3 作图方式 **plot_type** 默认为 heatmap.
- 4 数据列: 默认为 **show_columns= File1:4** 文件 File1 的第 4 列为作图数据

故均可以默认, 可极简配置, 只须传入文件

```
SetParaFor= global  
File1= ./SNP.dis.gz
```

具体配置和数据 见 Basic_Tutorials/example01



为了极大方便用户作图这些图, 我们在对应的目录里面 example01_Density_heatmap 提供了一个小 perl 脚本 ([CountBinNumPlot.pl](#)) , 可以一步从 vcf 到上图 SNP 密度图。也可以一步从 GFF 文件得到 基因密度分布力, 具体见下面场影应用 example01 。

```
#### run SNP_density for VCF File example ####  
#perl ../../bin/script/CountBinNumPlot.pl -Infile in.vcf.gz -OutPut SNP_density  
#perl ../../bin/script/CountBinNumPlot.pl -Infile in.vcf.gz -OutPut SNP_density -BinSize 100000  
### run gene_density for gff File example ####  
#cat Ref.gff |awk '$3=="mRNA"' >mRNA.gff  
#perl ../../bin/script/CountBinNumPlot.pl -Infile mRNA.gff -SiteColumn 4 -OutPut gene_density
```

示例 2

track_num 在没有设的情况下会根据 File1 的列数来判断
如示例中 mat.fst(*chr start end Flag1* …*Flag12*)
那么 默认 *track_num =12* 各 trackX 对应 FlagX 的值
那么如下统一 *Ymax Ymin* 等, 就可以画 heatmap 图,

```
SetParaFor= global  
File1= mat.fst  
title= "Fat mat"  
#track_num =12  
canvas_body=360  
  
## 默认为根据 File1 的列数减 3  
## 12 列*20 mat.fst  
  
xaxis_tick_show=0  
SetParaFor= trackALL  
  
##不显示 x 轴
```

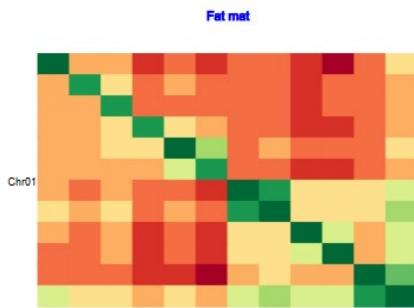


```

plot_type= heatmap          ##作图方式用 热图,文本
upper_outlier_ratio=1.0
colormap_nlevels=10
Ymax=0.65
Ymin=0
colormap_legend_show=0

```

结果如下：



3.2 histogram 作图示例

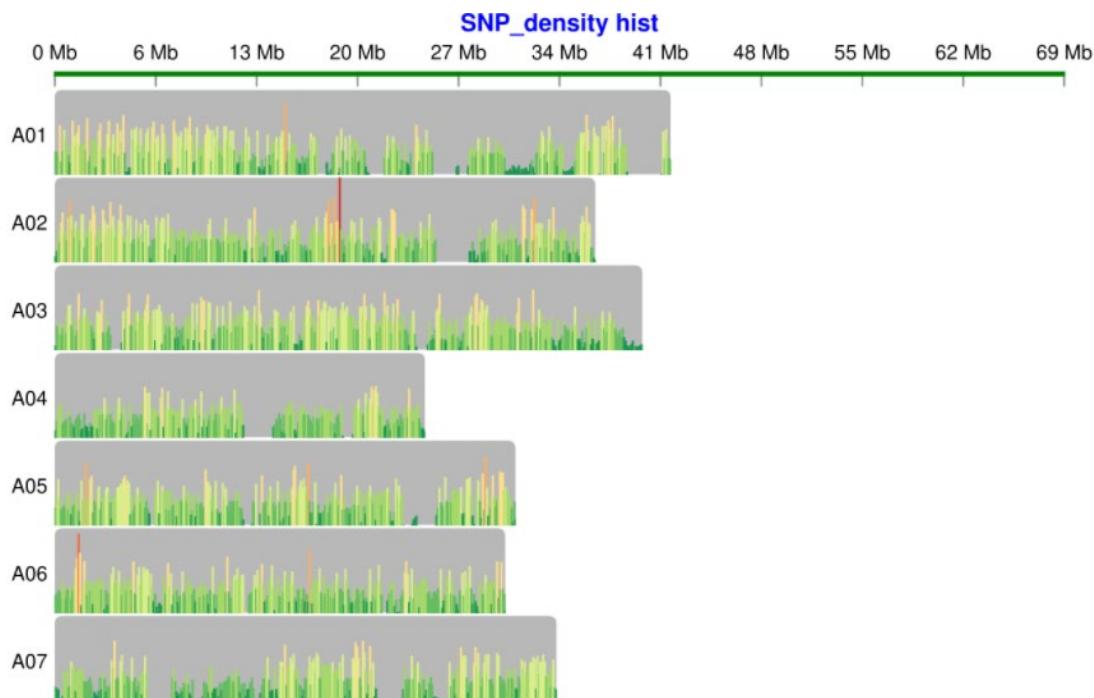
示例 1

数据 同用上 example01_Density_heatmap

密度图：

- 1 Chr 纵列排， 默认 vertical
- 2 几层 (circos 的几个圈)， `track_num = 1`， 默认根据文件列数目
- 3 作图方式 `plot_type` 改为 hist
- 4 当前层的高度 (即轨道高度) 提高 `track_height = 100`

具体配置和数据 见 Basic_Tutorials/example02



示例 2

也要对上进行如下配置

1 将 chr 排列从纵排列改为横的 `chr_orientation= horizontal`

2 颜色不想要渐变。

颜色渐变等级数量 : `colormap_nlevels = 3`

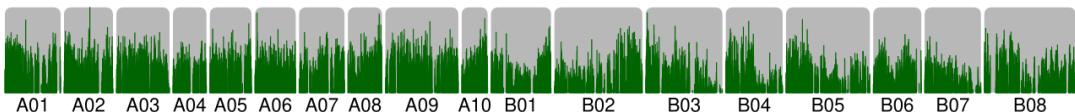
三色渐变 改为同一值

```
colormap_low_color = "#FFFF00"          ## 最低值对应的颜色
colormap_mid_color = "#FFFF00"          ## 中间值对应的颜色
colormap_high_color = "#FF0000"          ## 不显示渐变条, 不显示图例
colormap_legend_show=0
```

5 不显示 x 坐标轴

`xaxis_tick_show=0 # 不显示 x 坐标轴`

可以得到下图:

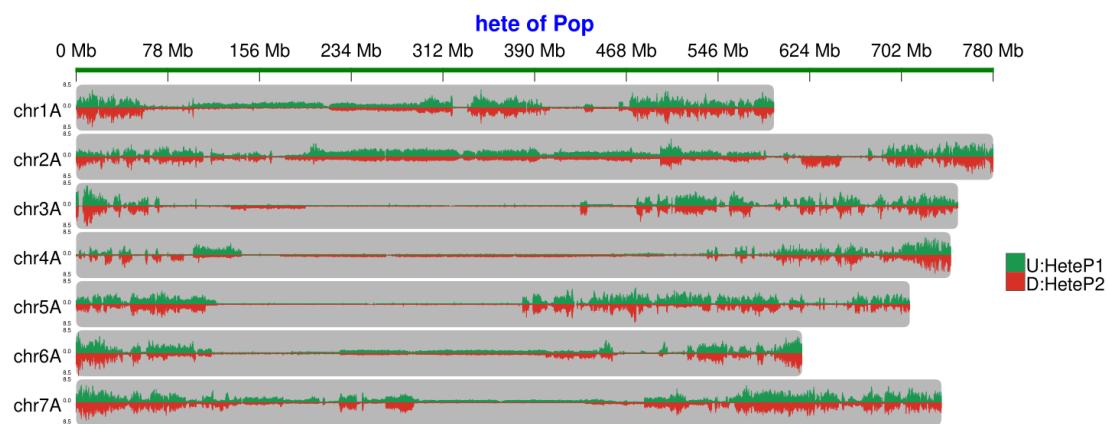


示例 3

在同一 track, 有时为了比较方便, 也可以画两列数据画两个 hist, 此时会以居中, 一个以向上 hist, 一个向下:

数据列: 默认为 `show_columns= File1:6,7` 文件 File1 的第 6 列和第 7 列为作图数据, 作来画 上下直方图

```
SetParaFor = track1
plot_type = hist
## 开始处理第 1 层参数
## 绘图类型: histogram (直方图)
## show_columns = File1:6,7
## 用 File2 的第 6,7 列数画上下直方图
## yaxis_tick_show=1
## 显示 y 轴数值
## track_height=60
## track 高度高些
## bg_end_arc_division=8
## 背景边缘曲度, 值越大曲度小些
```



3.3 scatter(point) 作图示例

示例 1

GWAS 图 点, 两层, 一层高, 一层 track 低不。点的颜色和高低默认值相关, 如何配置:

```
track_num= 2
## 共二个 track(层)
SetParaFor=track1
## 下面开始处理第 1 层 参数处理
```

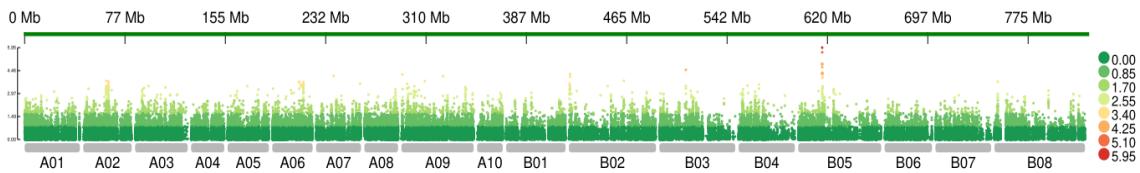
```

plot_type= point
show_columns= File1:4
track_height=100
log_p=1
background_color="#FFFFFF"
yaxis_tick_show=1
padding_ratio=0.04
track_point_size=1.2
##作图方式散点
##把 file1 的第四列用散点图形式画出来)
##第一层宽度调高点
###o-log(), 对数值进行取 log
##背景为白色, 实没有画
##显示左边数值
##和下一层 track 空一点白
##散点的大小按默认放大

SetParaFor=track2
show_columns= File1:4
track_height=10
plot_type= EEE
## 这一层啥都不画 仅用背景条
## 啥都不画,空, 仅背景条

```

即可以得到如下图：



示例 2

如上画 Manhattan 图的，但颜色是由于数值的高低解决的，如何 改为按 chr 的颜色画的呢？在这先讲一个点：对于点和热图及柱状的

- A: ShowColumn = File1:4 时 点的 颜色是按这个 File1 第四列的数值按 颜色的等份原则
- B: ShowColumn = File1:4 File2:4 File2:5 时，则是按 File1 的列 4 为颜色 A; File2 的列 4 为颜色 B；而 File2 的第五列为颜色 C;

```

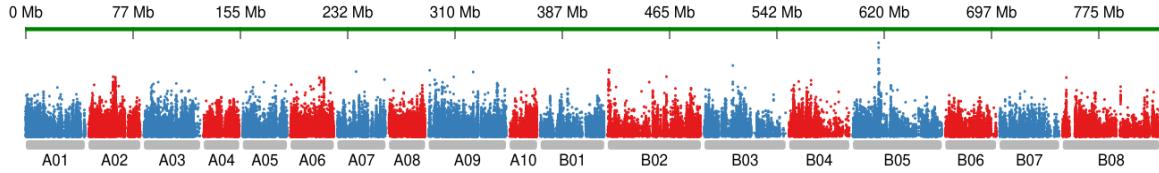
zcat Gwas.data.pvalue.gz |egrep "A02|A04|A06|A08|A10|B02|B04|B06|B08" > A.pvalue
zcat Gwas.data.pvalue.gz |egrep -v "A02|A04|A06|A08|A10|B02|B04|B06|B08" > B.pvalue

```

同时将主要改这儿

```
ShowColumn = File2:4 File3:4 ## File2:4 列颜色 A File3:4 颜色 B
```

最终可以如下：



额外话：若 gwas 位点多，svg 生成文件会较大，转 png 时须要瞬间大内存，再注：一般而言，由于**连锁不平衡 (LD)** 关系的原因，相邻的 SNP 位点的往往是完全连锁的，即**对应的 Pvalue 是一致** (Y 坐标)，又由于是相邻距离小，在画布即使是 5000 的情况下，在 500M 的基因组，画布 1 代表 100k，距离在 1000bp 在画布上的仅为 0.01 的差别 (X 坐标)。所有关联点打印到画布上时，均打印在画布上的同一个点。基于这个原理，RectChr 1.24 以上的版本其实只打印最后一个点，即可以大大减小矢量图 svg 的文件大小，从而达到无损压缩的目标。)

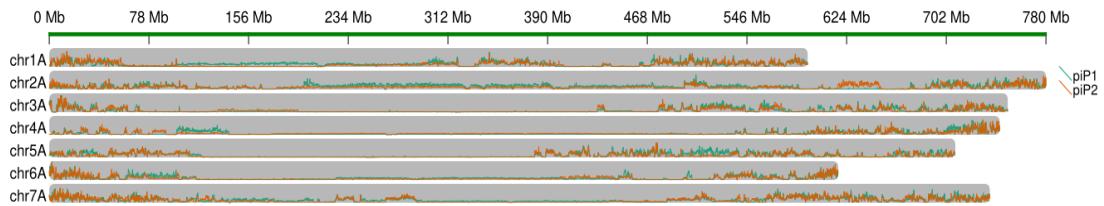
3.4 lines 作图示例

示例 1

```

SetParaFor= global
File1= ./poly.info.gz
track_num=1
SetParaFor=track1
plot_type= lines
show_columns= File1:4,5
##这个是必须输入文件路径
##多少层, 类同 circos 多少个圈,
##下面开始处理第 2 层参数处理
##作图方式用线条
##把 file1 的第四和五列用 lines 图形式画出来

```



示例 2

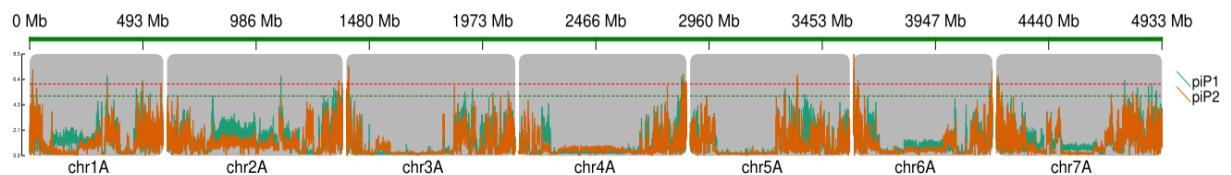
对 points ,histogram 和 lines 等有时可以设多画 cutoff 线。 如下是设了 cutoff 线的。如下横放，加两 cutoff 线

```

SetParaFor= global
File1= ./poly.info.gz
track_num=1
chr_orientation= horizontal
#canvas_height_ratio=0.8
##这个是必须输入参数, 输入文件路径
##多少层, 类同 circos 多少个圈,
##染色体排列方向为水平(horizontal), 横排
##画布下面空白去掉些

SetParaFor=track1
plot_type= lines
show_columns= File1:4,5
track_height=100
yaxis_tick_show=1
##显示的 Y axis 的起终点值
cutoff_y=6.0
cutoff2_y=5.0
cutoff2_color=green
##bg_end_arc_division=8
##cutoff_y,cutoff1_y,cutoff2_y 可以画三条线
##cutoff2 线用 green 颜色
##背景边缘的曲度, 越大曲度超小

```



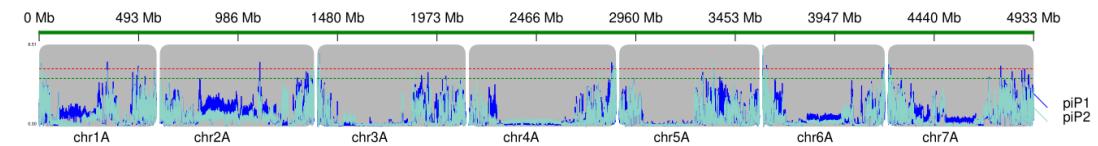
示例 3

有时可以画多条线，想显示突出某一条，可以用

用 `line_colors_conf=line_colors.conf` 传递不同 lines 的颜色，如下 `line_colors.conf` 的内容如下

1=blue

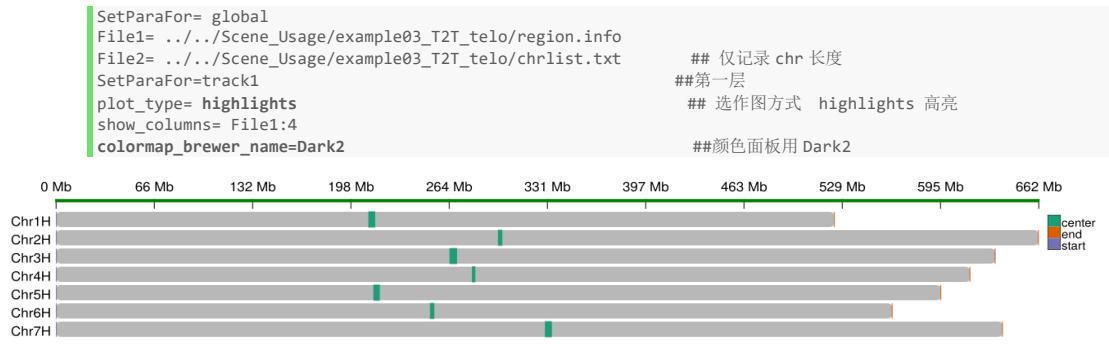
2="#1B9E77"



3.5 highlights 作图示例

示例 1

如下：



示例 2

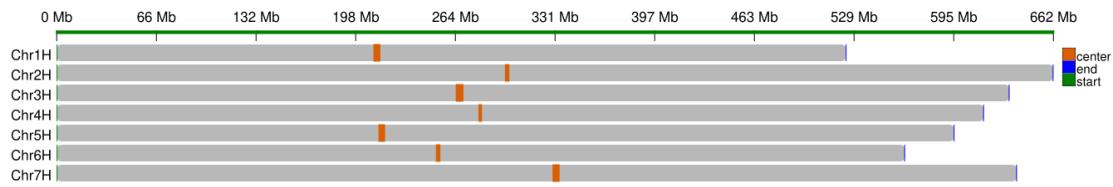
有时 想手动配置 颜色, 可以 global 自定义, 数值(Flag)和颜色的关系,
`colormap_conf = col.file` 该参数可以在所有作图方式均可以起作用。如下 `col.file` 的内容
 如下:

```

center="#D95F02"
end=blue
start=green

```

即可以得到如下:



3.6 text 作图示例

示例 1

输入格式: #CHR Start End ScaName 正/负

如下主要画两层 text 和 highlight (高亮) 两种配合。

```

SetParaFor= global
File1= ./scf2chr.format2
track_num= 2
chr_spacing_ratio=0.2
title= "Scaf2Chr"

canvas_angle= 90
chr_label_rotation= -90
axis_tick_interval=50000000
##File1 是必须输入参数, 输入文件路径
##设 2 层, 类同 circos 多少个圈,
##不同染色体 chr 之间的间隔比例(ChrWidth*ChrSpacingRatio)
##标图文本, 还有其它控制参数。

## 对 Figure png 进行旋转的角度
##旋转 chr 名字 text
##X 坐标以 5M 为单位

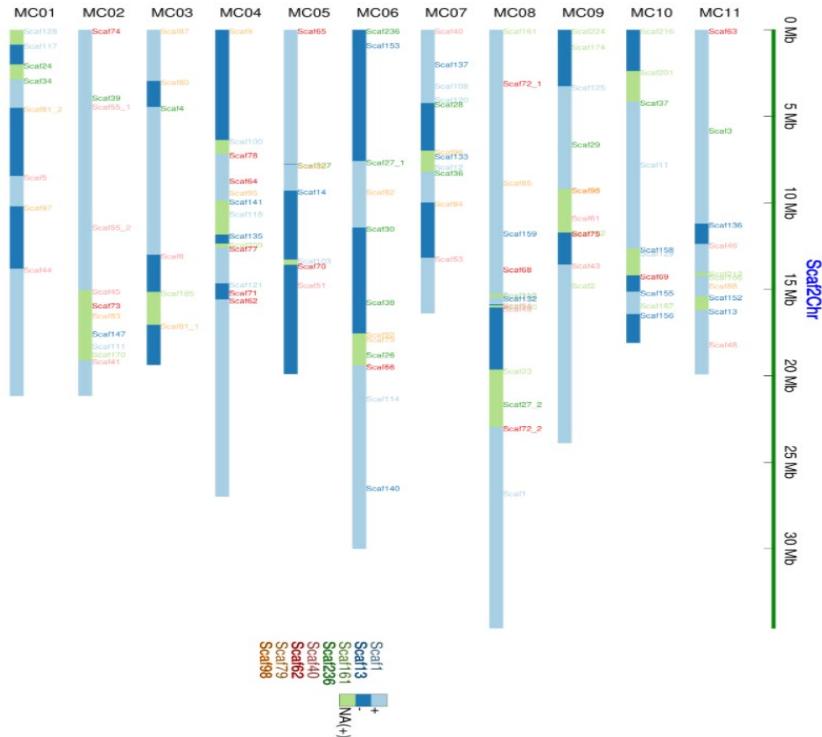
SetParaFor= trackALL
#colormap_legend_shift_x=-180
#colormap_legend_shift_y=-400
## 下面是处理初始化参数 SetParaFor 参数处理

SetParaFor=track1
plot_type= text
show_columns= File1:4
track_height=80
background_color="#FFFFFF"
#track_text_angle=-90
text_font_size=14
##下面开始处理第 1 层 参数处理
##放 text 的名字 宽度长点
##白色, 即没有背景
##旋转 90 度文字
##设置文字大小

SetParaFor=track2
plot_type= heatmap
show_columns= File1:7
##下面开始处理第 2 层 参数处理
##热度图 表示 + -
##把 file1 的第 7 列用散点图形式画出来

```

见 example1 里面的配置和用法 极输入文件格式。Text 的颜色可以通过配置设为统一颜色

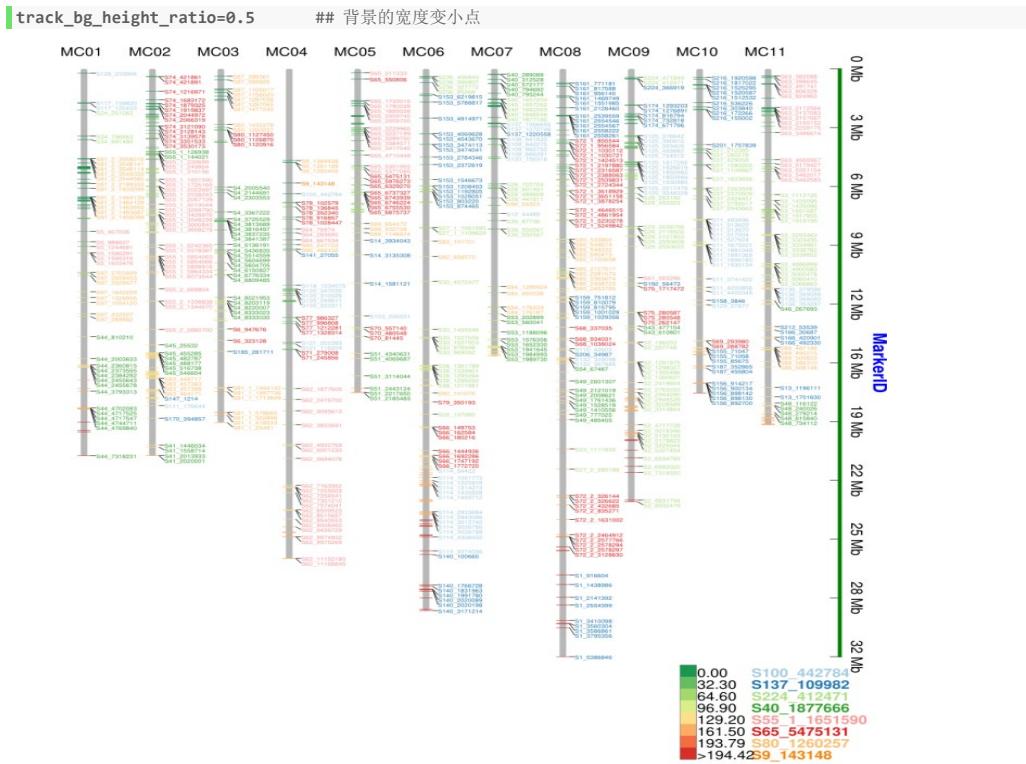


示例 2

遗传图谱画图

输入格式: #CHR Start End ScaName 正/负

两层即画 text 层和高亮层两种配合。其中高亮层的背景条宽度(`track_bg_height_ratio`)缩小了点。主要 `SetParaFor=track2` 下加上如下参数



背影宽度 层次的配置 颜色若不要渐变 均可以配置 自己组合

3.7 shape 作图示例

示例 1

输入文件 A 格式： [#Chr Stat End Flag] 其中 Flag 程序会根据 Flag 的内容（**其它作图方式也是一样**），自己判断是不是数字还是字符。然后程序排序，如 shape 中若是数字还会根据高低进行区别，有时即使内容是数据，想让按 shape 处理，那么只要在对应的 track 加上参数 `as_flag=factor` 如下显示四个 track 都是按照同一数据 File1:4。

第二 track 按 ascii 码排序, 第三 track 是按 ascii 码, 同时自定义 shape。

其中 shape 共 16 种作图 shape 方式，见对应关系见 track1 和 track3

ShapeType 从 0 开始到 17 对应的图形

分别为 实心： 圆， 正方形， 菱形， 上三角， 下三角， 五角形， 空心： 圆， 正方形， 菱形， 上三角， 下三角， 五角形， 左箭形， 右箭形， 左半圆， 右半圆， 上半圆和下半圆。

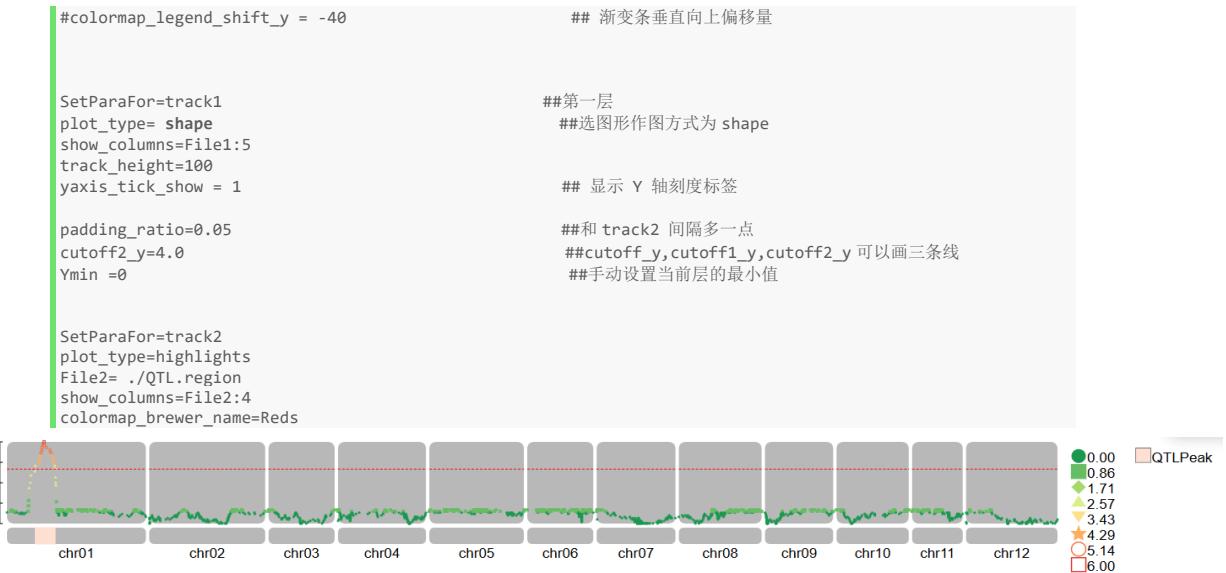
示例 2

```
SetParaFor= global
File1= ./rod.data
track_num= 2
chr_orientation= horizontal # ## 2 track
## horizontal chr 水平, 横排列

xaxis_tick_show=0 #不显示 X 轴

SetParaFor=trackALL
#colormap legend shift x = 20
## 渐变条水平向右偏移量
```





3.8 ridgeline 作图示例

示例 1

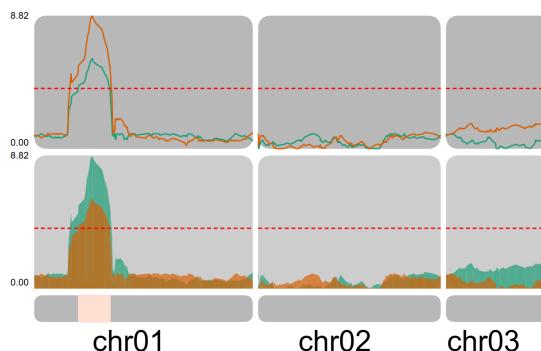
山脊线图，常是 line 另一种展示主式，下面把 track1 的 line 改为 ridgeline 后如下区别
同时为了可以设 svg 的透明属性，在 ridgeline 所在的 track 中设 *stroke-opacity* 和 *fill-opacity* 为 0.7

```

SetParaFor=track1
plot_type= lines
show_columns=File1:5,6
track_height=100
yaxis_tick_show = 1
#bg_end_arc_division=10
padding_ratio=0.05
cutoff2_y=4.0
Ymin =0

SetParaFor=track2
plot_type= ridgeline
show_columns=File1:6,5
track_height=100
yaxis_tick_show = 1
#bg_end_arc_division=10
padding_ratio=0.05
cutoff_y=4.0
Ymin =0
colormap_brewer_name=Dark2
stroke-opacity=0.7
fill-opacity=0.7
stroke-width=0

```



3.9 pairwiselink 作图示例

示例 1

格式为： 格式为： 【chr Start End Flag】 其中 当 Plot_type = PairWiseLink

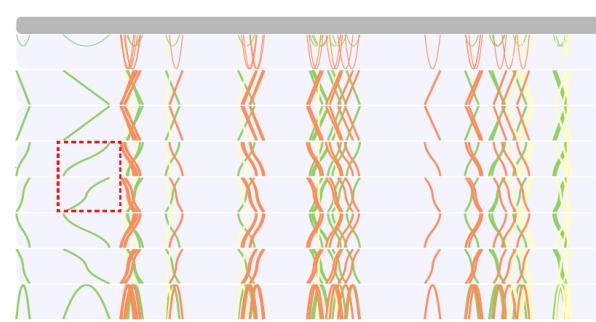
如下图见 example09 OUT1 ,可以看 sca 上比对的 pairend 的距离。

其中

```
## link_uniform_height=1 # 在 PairWiseLink 时, 这一参数设为 1 时 可以一样高  
## link_linestyle = curve      # 默认是曲线 还是 curve/line  
## link_direction =UpUp ## 在 PairWiseLink 时, 这一参数设为 DownDown 时, 弧度  
向下 默认为向上 UpUp 这一参数也可以设为 UpDown 和 DownUp 具体见 example 里面  
的配置 3 。 另见说这更多说明
```

下面是同一数据不同参数的效果示意图：

link_linestyle	link_direction	link_uniform_height
curve	UpUp	0
line	UpDown	-
line	DownUp	-
curve	DownUp	-
curve	DownUpV2	-
curve	UpDown	-
curve	UpDownV2	-
curve	DownDown	1

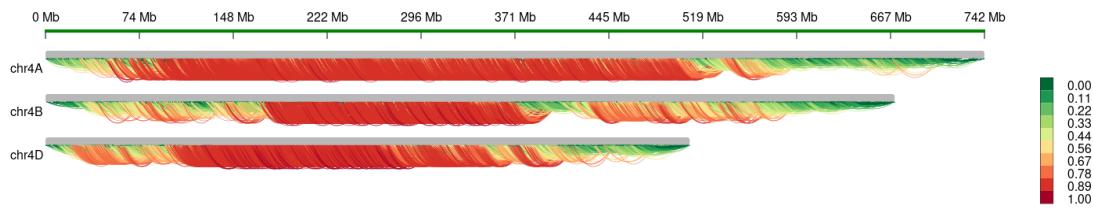


示例 2

再如下图 R^2 图的每取 1M 取一个 snp 看附近 30M-40M 和他的关系 R^2。如下图所示 见 example9 OUT3

```
SetParaFor=track2  
show_columns= File1:4  
plot_type= PairWiseLink  
background_color="#FFFFFF"  
track_height=30  
stroke-width=0.5  
upper_outlier_ratio=1  
##下面开始处理第 2 层 参数处理  
##把 file1 的第 4 列用 pairwiselink 的颜色  
##背影色为#FFFFFF 为白, 即不画背景色  
##线条细点  
## 此层 Top of ValueX 用最高点颜色[0.95], 其它再等分
```





如上主要是两层，第一层只画背影条，第二层则背影条为白色（即不画）用 PairWiseLink。第二层高低可以通过配置自定义。

示例 3

上面设计输入为

Chr	Start	End	Value
ChrA	StartA	link	ChrB StartB

即从同一条 chr 的 Start link 到 End 这儿。颜色 or 高度用 Value 的值来表示。无法 ChrA StartA link ChrB StartB, 即不能横跨两条不同的 chr. 故开发出 PairWiseLinkV2 . 该 PairWiseLinkV2 准充 横跨两条不同的 chr, 所以也在 ShowColumn 做了相应的指定, 必须同时指定 3 列, 如 File1:4,5,6 # 必须是 3 列 可以不同 FileX 但要有三列 分别为 Value ChrB SiteB , 其它参数 link 风格同上。下面是

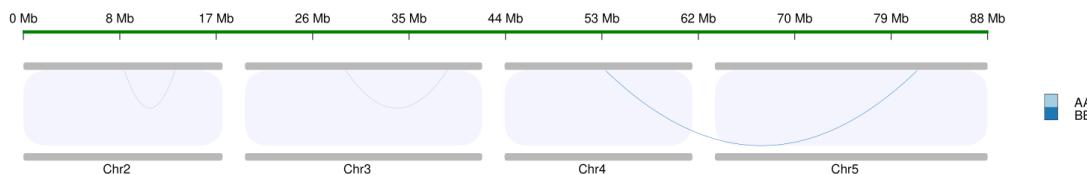
```

SetParaFor=track1          ##下面开始处理第 1 层参数处理,第一层仅背影条
track_height=10             ##随便一个非关键词, 表示不画
plot_type=EEE

SetParaFor=track2          ##第二层
plot_type= PairWiseLinkV2  ##背影色
background_color="#F4F4FF"
track_height=100            ##线条细点
stroke-width=0.5           ##须是 3 列分别为 Value  ChrB   SiteB
show_columns=File1:4,5,6
colormap_legend_show=1

SetParaFor=track3          ##第三层
plot_type= EEE
track_height=10

```



3.10 LinkS 作图示例

示例 1

上面的 pairwiselink 的是一个起点 link 到另一个起点, 但无法是一个区域 link 到另一个区域中, 当前 LinkS 解决了这一问题。输入中文件为

ChrA	StartA	EndA	Value	ChrB	StartB	EndB
AA	1	2	0.5	BB	3	4

用法只要 ShowColumn 要有四行输入, 若没有四行 的话, 则不会画
即 ShowColumn 可以设为

ShowColumn=File2:4,5,6,7 或者为 ShowColumn=File2:4 File2:5 File2:6 File2:7

其中参数 `label = "SampleA"` 可以设当前层的标签及其样式设置 (`label_size label_color label_shift_x label_shift_y label_angle`)

其中 `chr_order` 如下设置, 只画部分 chr, 去掉 Chr1H 和 Chr04H 不画,

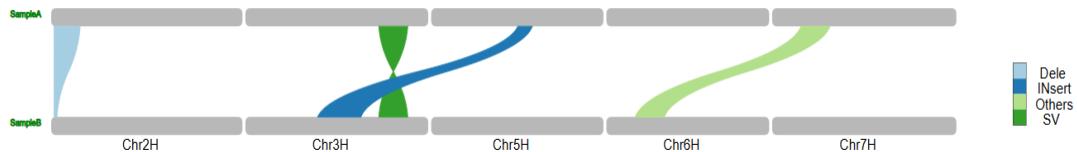
```
SetParaFor = global                                ##设置当全局范围 (global)
File1 = ../../Scene_Usage/example03_T2T_telo/chrlist.txt
File2 = SV.info
chr_orientation = horizontal                      ##染色体排列方向为水平 horizontal (横向)
chr_order = Chr2H,Chr3H,Chr5H,Chr6H,Chr7H        ##筛选并指定染色体顺序(去掉 1H 4H)
track_num = 3                                      ##指定绘图层数(track 数量)
xaxis_tick_show=0

SetParaFor = track1
plot_type = linesEE                               ##不画,仅背景条
show_columns = File1:4                           ##当前层的标签
label = "SampleA"

SetParaFor = track2
plot_type = LinkS                                ##开始处理第 2 层参数
track_height = 100                                 ##当前层的高度调高些 (即轨道高度)
show_columns = File2:4,5,6,7                      ##显示 linkS 须要 4 列, 均为同一文件 File2
background_show=0                                  ##不画背景

SetParaFor = track3
plot_type = linesEE                               ##不画,仅背景条
show_columns = File1:4                           ##显示 File1 的第 4 列数据
label = "SampleB"                                ## 当前层的标签及其样式设置 (label_size label_color ...)
```

效果如下:



3.11 heatmapAnimated 作图示例

示例 1

这儿 `heatmapAnimated` 动态热度图, 是指在 SVG 文件中 `heatmap` 颜色随时间(状态)变化, 能够动态展示数据在不同时间点(状态)的分布和变化情况。用法主要 `ShowColumn=` 指定多列就可以, 如下:

```
SetParaFor= global
File1= ./S01.bin.gz
track_num= 2
canvas_margin_right=250
## 多少层, 类同 circos 多少个圈, 这儿设 2 层
## 画布右边加长点

SetParaFor= trackALL
##trackALL, 即先为所有层设置的默认值

SetParaFor=track1
plot_type= heatmapAnimated
show_columns= File1:4,5,6,7
padding_ratio=0.1
##选作图方式为动态热度
##必须是同一文件中的四列

SetParaFor=track2
plot_type= EEE
show_columns= File1:4
track_height=10
##不画 仅背景条
##这一层 track 宽度小点
```

该功能比较少用到, 由于是要动态, 需要将 svg 下到本地, 用浏览器打开查看。

上面共用到 4 列，即 4 种状态，如下是两种状的静态图 见 examp11



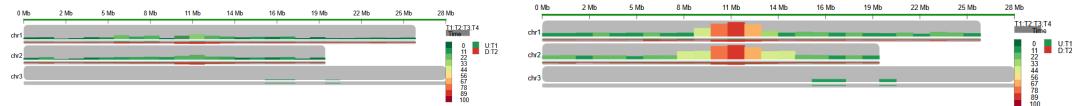
3.12 histAnimated 作图示例

示例 1

同 heatmapAnimated 用法一样，ShowColumn=指定多列,只是 heatmap 改为 hist 了，见 example12. 该功能比较少用到，由于是要动态，须要将 svg 下到本地，用浏览器打开查看。

上面共用到 4 列，即 4 种状态，如下是两种状的静态图 见 examp12

```
SetParaFor=track1
plot_type= histAnimated
show_columns= File1:4,5,6,7
padding_ratio=0.1
track_height=40
colormap_nlevels=10
upper_outlier_ratio=1.02
```



4 应用场景示例

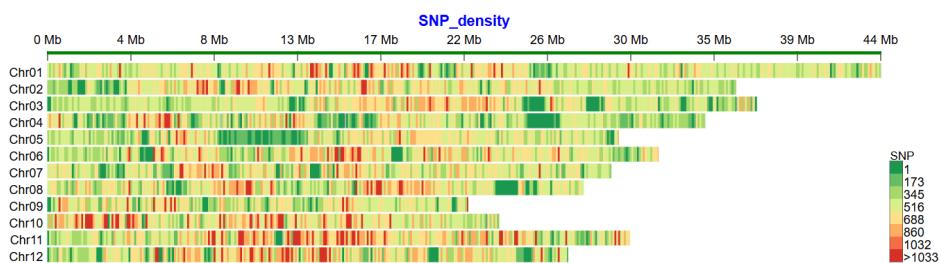
4.1 SNP/gene/GC 等密度图

输入格式：[#Chr Stat End Flag] :Flag 为这个区域的统计量的值，可以为整数可以为小数可以为字符串。其中下面图的都是用 binbox 可以用颜色表示大小数。

别外 用户可以结果数据用 point 高低 柱状图 和 lines 及结合颜色来画。**plot_type** 默认为 heatmap，故可极简配置,只须传入文件

```
SetParaFor= global
File1= ./SNP.dis.gz
```

具体配置和数据 见 Basic_Tutorials/example01



为了极大方便用户，作图，我们在对应的目录里面 example01_Density_heatmap 提供了一个小 perl 脚本 ([CountBinNumPlot.pl](#))，可以一步从 vcf 到上图。

```
##### SNP/InDel density #####
```

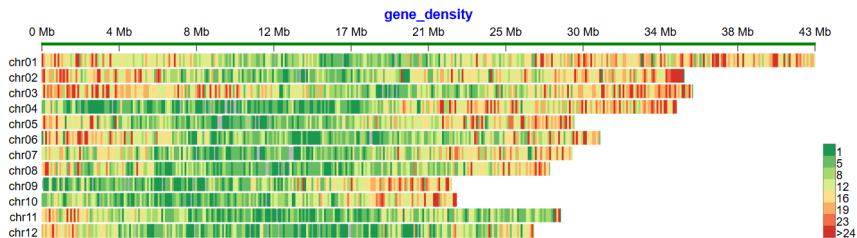


```
perl CountBinNumPlot.pl -InFile in.vcf.gz -Output SNP_density
#perl CountBinNumPlot.pl -InFile in.vcf.gz -Output SNP_density -BinSize 100000
```

即 该程序 有更多参数, 不只是只针对 VCF 格式, 可以对某一列进行以 bin 累计和算平均数。

```
##### gene density #####
cat Ref.gff |awk '$3=="mRNA"' >mRNA.gff
perl CountBinNumPlot.pl -InFile mRNA.gff -SiteColumn 4 -Output gene_density
```

即可以得到如下的 gene 密度图:

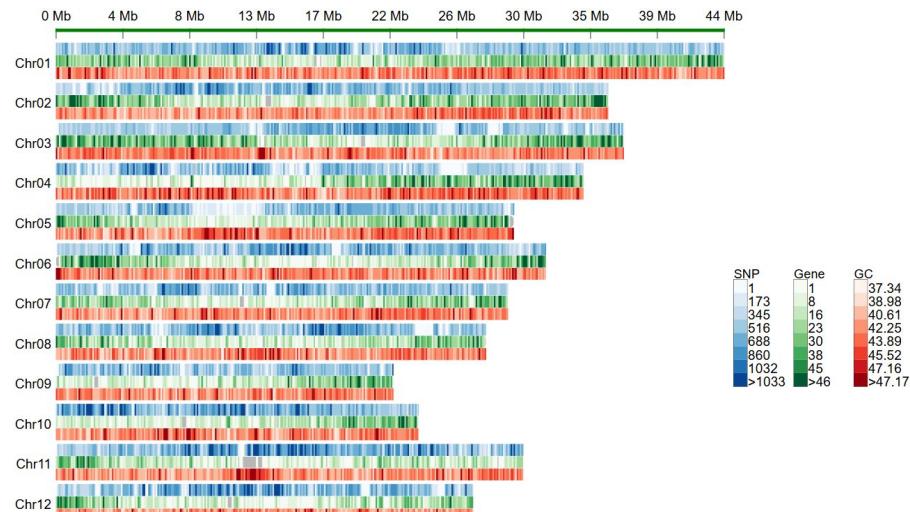


其中也可能画多个 track 在一起, 下面是各个 track 用不同的颜色系列

```
SetParaFor=track1
show_columns=File1:4
colormap_brewer_name=Blues
##确定绘图中需要显示的列, 所在文件所在列
##使用 调 Rcolorbrewer 的 Blues 色板
```

```
SetParaFor=track2
show_columns=File2:4
colormap_brewer_name=Greens
##确定绘图中需要显示的列, 所在文件所在列
##使用 调 Rcolorbrewer 的 Greens 色板
```

```
SetParaFor=track3
show_columns=File3:4
colormap_brewer_name=Reds
##确定绘图中需要显示的列, 所在文件所在列
##使用 调 Rcolorbrewer 的 Reds 色板
```



(顺说一下, 其中 文件格式如下 加多一个# 时 上面的 legend 就会加 title)

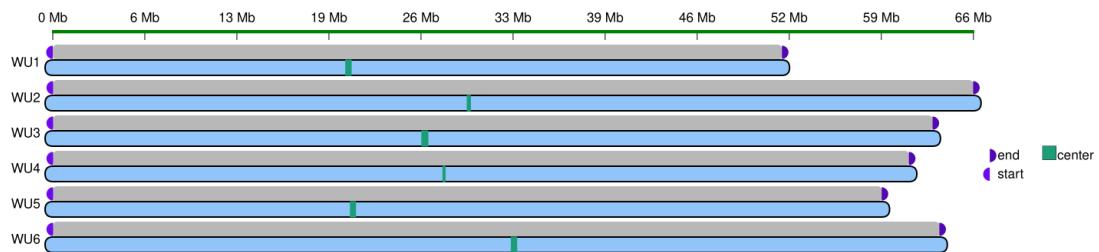
```
#Chr Start End #GC
Chr01 1 100000 44.39
```

4.2 T2T 基因组画

在稳定 RectChr 之后, 根据用户的新的需求了, 即在 1.39 之后的版本才有的参数 track_shift_y, 该参数主要 可以达到 看起来在同一个 track 用多种作图方式的功能.

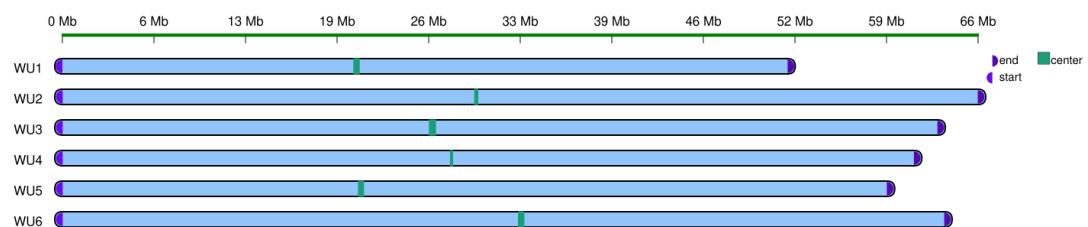
具体如下 画了 2 个 track ,上面一个用了 shape 用两个半圆标了两个端粒, 下面的 track 用了 highlights 标了着丝粒



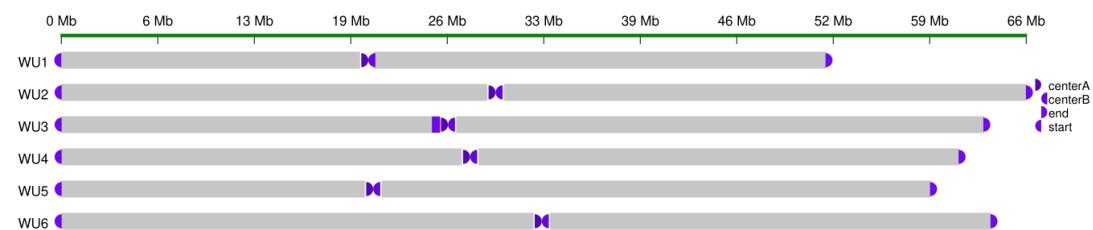


那么如何将两个 track 画在一起，其实只要 A: 将 track1 的背景设为透明，B: 根据设新的参数 `track_shift_y=20` 表示将 track1 向 Y 往下移 20，叠加在 track2 上面，即只要在 track1 添加如下参数

```
bg_stroke_width=0          ##不画此层的，取消背景色
background_color="#FFFFFF" ##此层（track）背景为白色，即不画
track_shift_y=20            ##track 下移 和 track2 叠在一起
```



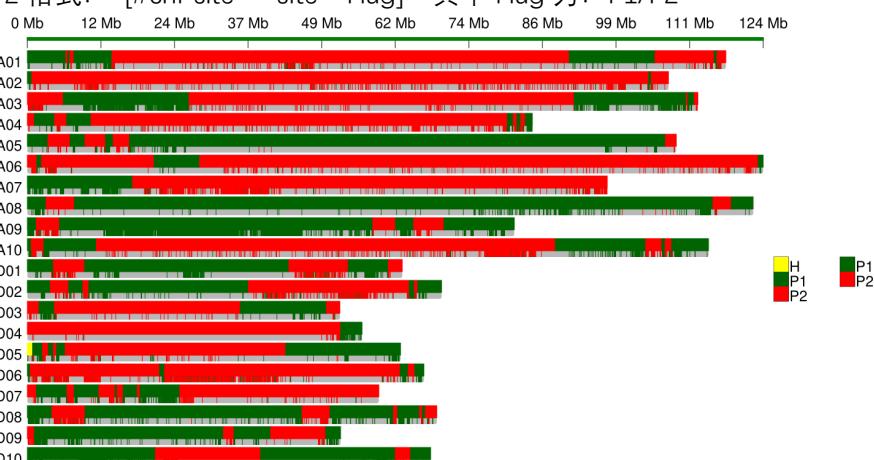
更详细设见 `in2.conf` 和 `in3.conf`，如下见这图：



4.3 个体 BinMap+maker 画图

输入文件 1 格式：[#Chr Stat End Flag] 其中 Flag 为：P1/P2/H

输入文件 2 格式：[#chr site site Flag] 其中 Flag 为：P1/P2



见 `example4` 里面的配置

```
SetParaFor= global
File1= sample.bin2.gz
##File1 个是必须输入参数，
```

```

track_num= 2                                ##多少层, 类同 circos 多个圈

SetParaFor=track1                           ##下面开始处理第 1 层 参数处理 颜色交换一下
colormap_low_color="#FFFF00"
colormap_mid_color="#006400"

SetParaFor=track2                           ##此层(ValueX)中间值 Value 的配色
File2= ./diff.spe.maker.gz
show_columns= File2:4
track_height=10
colormap_low_color="#006400"

```

主要是两层 heatmap , 下一 track 的 *track_height=10* 小些。即可以得到上图, 可以看出子代哪全区域来自哪个亲本。

4.4 多区域多样品 群体 BinMap

上面是一个样品看来自哪个亲本, 而常育种群体 (如 RIL 群体) 会测很多个体, 若要画在一起那么这个图很简单可以用 heatmap 多层画, 多少样品就多少层, 各层的间隙设为 0; 同时各 chr 横放。

- A. 把一个样品的信息 画成一层, 即有多少样品就可以画成多少层 (*track_num =79*) 各层的间隙比较设为 0 (*padding_ratio=0*)
- B. 样品按不同亚群排, 其中不同亚群之间插入多几个随意的样品, 用于隔开。
- C. chr 的 横放 (*chr_orientation=horizontal*), 间隙小点 (*chr_spacing_ratio=0.1*)
- D. 最后一列为颜色, 可以自定义颜色 or 默认就行

具体配置文件和例子见 example9

```

SetParaFor= global
File1= ./data/S01.bin.gz
track_num= 79
chr_spacing_ratio=0.1
colormap_conf= cor.info
chr_orientation= horizontal
##79 个样品, 一个样品一个 track, 即 79 层
##不同染色体 chr 之间的间隔比例
##通过在主配置文件 input 自定义颜色和 Value 的对应关系
##chr 是按纵 horizontal 横排列

#canvas_height_ratio= 0.7

SetParaFor= trackALL
plot_type= heatmap
track_height=10
colormap_legend_show=0
chr_label_size_ratio=1.05
show_columns= File1:4
##下面为 trackALL, 即先为所有层设置的默认值
##79*10 大约画布深度在 790+
##不显示进度条
##chrName 放大 1.05 倍

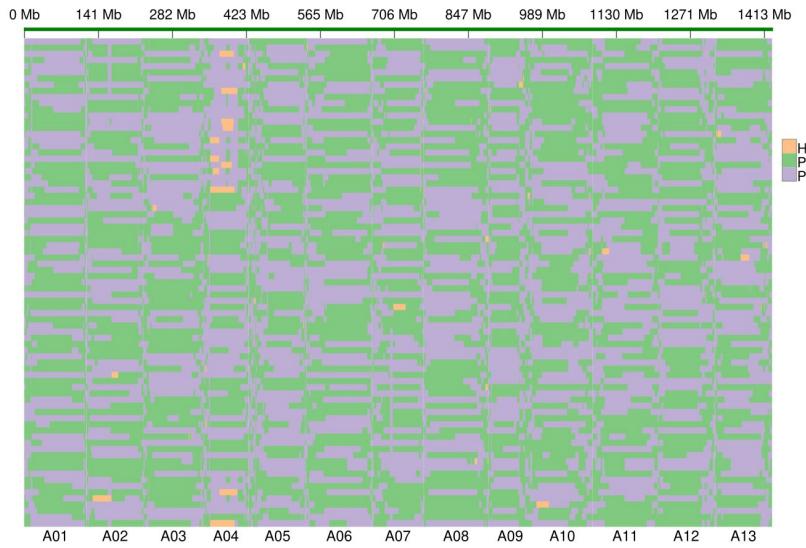
#colormap_legend_shift_y=-550
#colormap_legend_shift_x=20
colormap_legend_size=1.25

SetParaFor=track2
File2=./data/S02.bin.gz
show_columns= File2:4
SetParaFor=track3
File3=./data/S03.bin.gz
show_columns= File3:4
#####在这省略 5 - 7 7 的层的设置#####


```

具体见 example04_RILBinMap 的 里面提供具体数据和脚本





4.5 单区域多样品 群体 RegionHaplotype

群体重测序的分析中，通过一些信息挑到一个区域，要看所有样品（按不同亚群）看在这个区域的单倍型分布规律，即常常须要对某一个区域进行 Haplotype 展示。

提供了 `./bin/script/GenotypeShow.pl`，该程序直接读 vcf 文件，生成相关格式并调用 RectChr 出图，用法很简单如下：

```
perl GenotypeShow.pl
Version 1.0      hewm2008      2021-06-28;
Usage: GenotypeShow.pl <InPut><chr:start:end><Out>
Usage: GenotypeShow.pl <InPut><chr:start:end><Sub_or_OrderSample><Out>
```

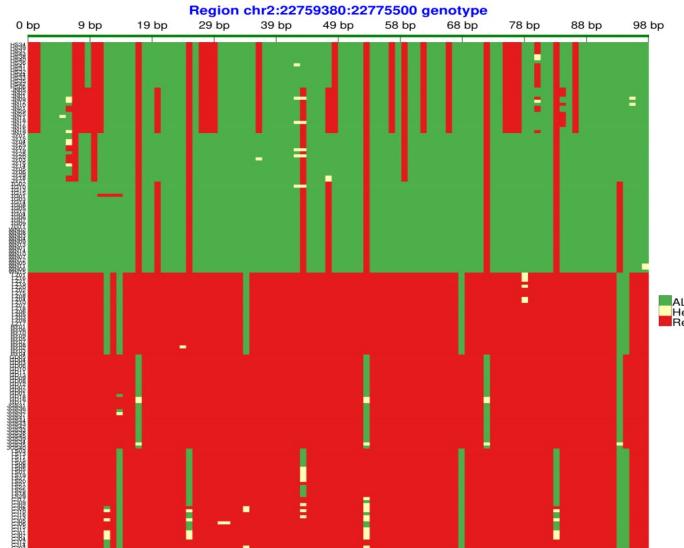
输入 in.vcf 和对应的区域区间就可以了。

其中也提供多了一个参数，可以用于对样品进行排序 or 只提取子群体出来画的参数

`Sub_or_OrderSample` 为文件，该文件为一列，第一列存样品名

```
perl ../../bin/script/GenotypeShow.pl      in.vcf.gz    chr2:22759380:22775500  sample.order.list OutRegion
#perl ../../bin/script/GenotypeShow.pl      in.vcf.gz    chr2:22759380:22775500          OutRegion
```

即可以得到如下：



其中调用原理是把一个样品的信息 当成一个 chr,纵排时 chr 之间的间隙比较设为 0. 即多

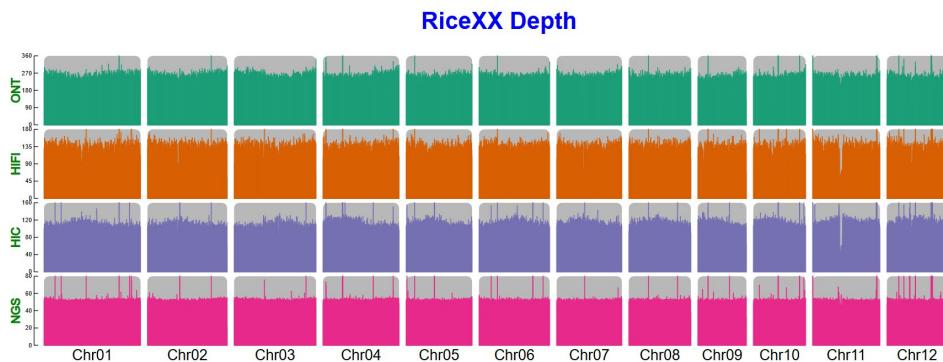
少样品就有多少条 chr，可以见 example05_RegionHaplotype 目录。更多细节点击查看
[RectChr 之多样品某一区域 genotype/gene/单倍型 热度图](#)

4.6 组装深度覆盖图

有时组装出一个基因组，作图查看须要组装效果和说明产量，须要画基因组各种数据的深度情况，这时 chr 是按纵排列，各种数据就一个 track，用柱状图画，然这种情况常有存在这种情况，由于多 CNV 只组装出一个 copy 出来，会导致这个区域的深度极高，是极值，这些参数 `cap_max_value(cap_min_value)`对该 track 的数据进行最大(最小)截断值，即高于这个值时，就取为此值。如下示例 track1 的，更多见 example06_DepthCov 目录

```
SetParaFor=track1
show_columns= File1:4
colormap_low_color="#1B9E77"
colormap_mid_color="#1B9E77"
colormap_high_color="#1B9E77"
label= "ONT"
cap_max_value=360
#Ymax=360
#bg_end_arc_division=98
```

即可以得到如下图：



4.7 遗传统计量等联合作图

在这主要说明各 track 自由组合，如下 具体见 example07_Genetics 如下三层

A:用 line 表示线： P_i .

B 柱+颜色表示： 杂合

C Fst 用 hist sele region 用热度图

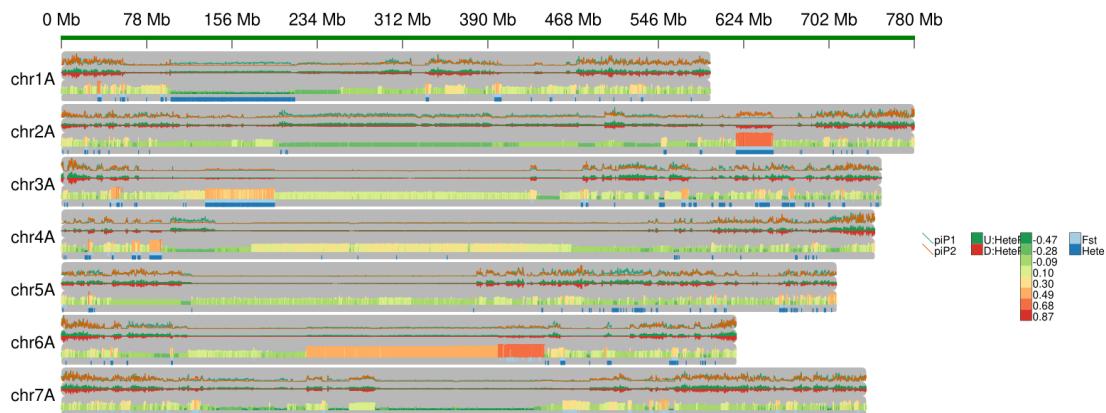
```
SetParaFor=track1
plot_type= lines
show_columns= File1:4,5
##第一 track 用线条
##把 file1 的第 4, 5 列用两个线条图示形式画出来

SetParaFor=track2
plot_type= histogram
show_columns= File1:6,7
##第二 track 用线条
##把 file1 的第 6, 7 列用上下个柱状图示形式画

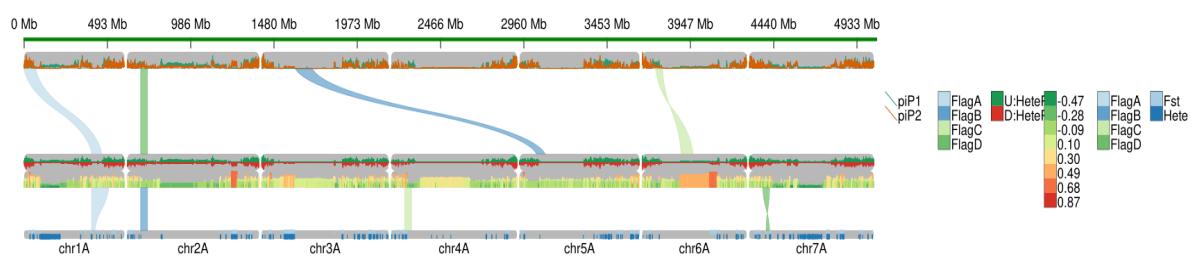
SetParaFor=track3
plot_type= histogram
show_columns= File1:8
##第三 track 用柱形+颜色

SetParaFor=track4
File2=sele.region
plot_type=heatmap
show_columns= File2:4,5
track_height=10
##第四 track 用热图 heatmap 标记 region
##也可以多列
```





其中和 LinkS 相互结合，即添加 LinkS 和横放后见 in2.conf。结果图如下



4.8 高级感的 GWAS 的 Manhattan 图

上面介绍 [scatter\(point\)](#) 时已经展示了普通的 gwas 的显示结果。有时要在峰值上标记一些基因，添加文本等，我们就须要多种 track 结果，可以在之前的基础上加多 2 个 track, 第一个用 `text`, 第二用 `pairwiselink`

```

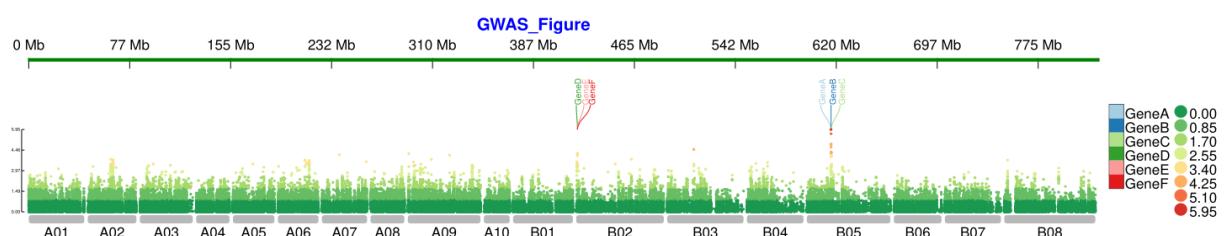
SetParaFor=track1
plot_type= text
show_columns= File2:5
background_color="#FFFFFF"
track_height=40
#track_text_angle=-90
track_text_size=1.2
colormap_legend_show=0

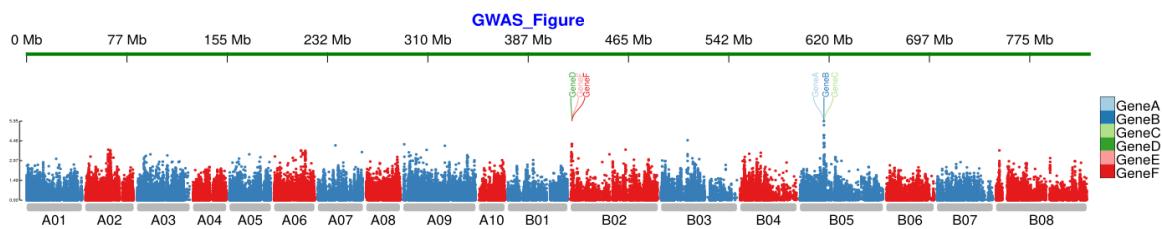
##下面开始处理第 1 层 参数处理
##文件 File2 的第 5 列作图
##白色，即不画背景
##放 text 的名字,所以宽度长点
##文本旋转 90 度
##文字字体放大为原来的 1.2
##不显示渐变条图例

SetParaFor=track2
show_columns= File2:5
track_height=30
plot_type= PairWiseLink
link_direction= UpDown
background_show=0
colormap_legend_size=0.8

##把 file2 的第 5 列用 ParrWiseLink S 曲线
##这一层宽度调高点
## 贝塞尔曲线
##同 background_color="#FFFFFF"一样，即没有背景
##渐变条 缩小为原来的 0.8

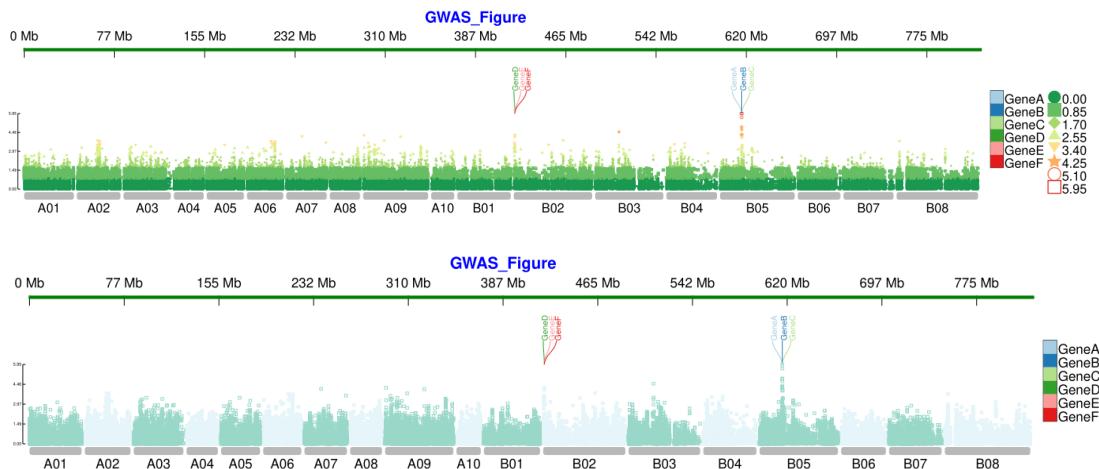
```





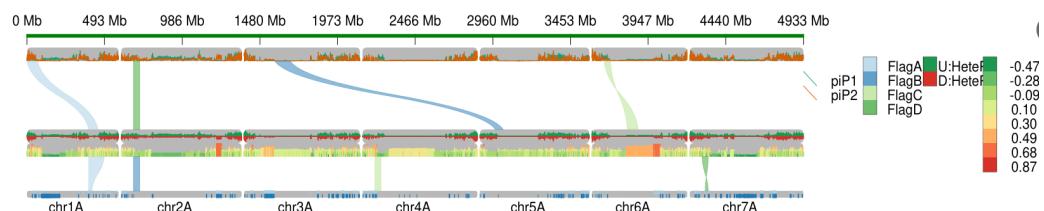
另按把点图 改为 形状 (shape) 的的见里面的 run3. sh 。

具体形状的 (shape) 的参数，可以见下面 or [打开这查看说明](#)



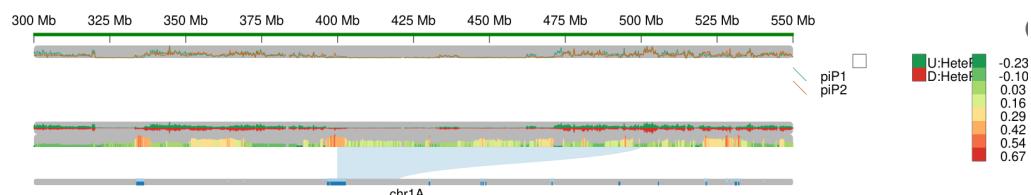
4.9 局部放大功能 (zoom_region) 基因组局部

早期版本原本 SetParaFor = global 下的 *chr_order* 主要用于排序 chr 的顺序和只列出一个或 几个 chr 的，但没办法只显示具体某一区域，现只要在 SetParaFor = global 添加 *zoom_region* (*同 chr_zoom_region*) 的参数，后面接具体的区域，如 ChrA:StartA:EndA

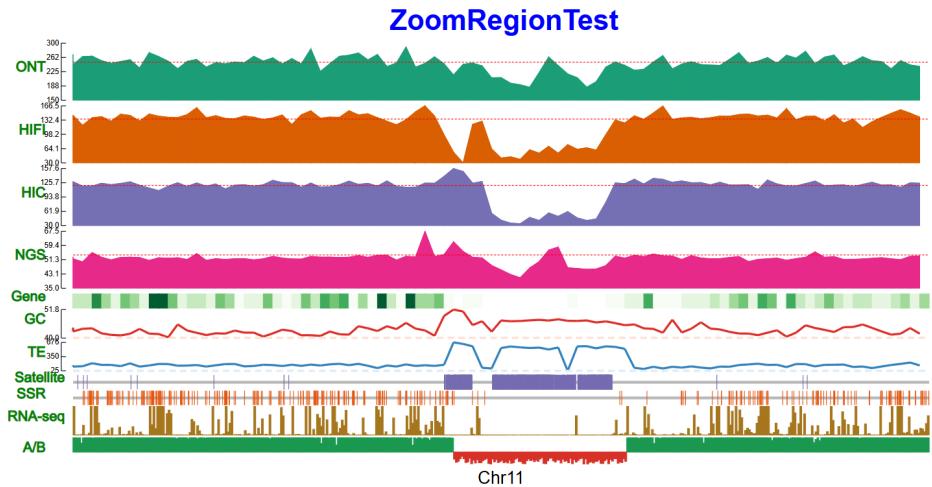


如在应用景中的[例 5.7](#) 的 in2.conf，添加如下参数

```
zoom_region=chr1A: 300000000: 550000000 #即可以只放大这个区域的情况。
即可以得到下图：可以从看坐标是只显示了Chr1A从300M-550M的了
```

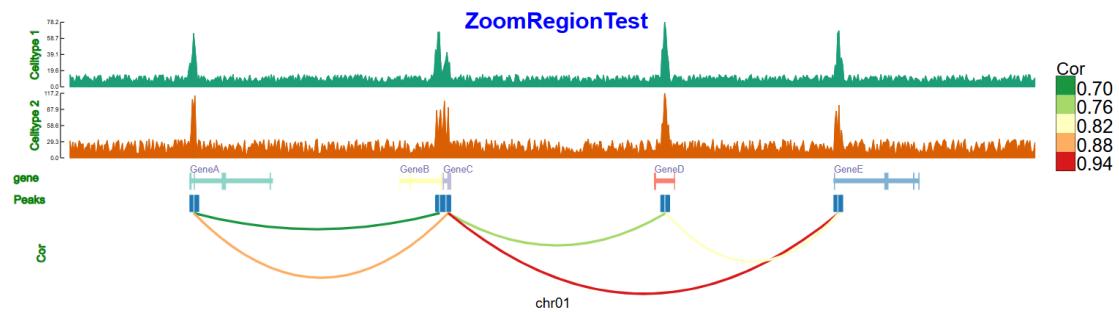


[example09_ZoomRegion](#) 中我们显示了可以用于文章画的图如下（中间当是着丝粒）：



上图是在 `zoom_region=Chr11:8000000:17000000` 显示局部情况。

Example10_Peak 中我们显示了某个具体 region 的基因结构和关系，见如下图



5.其它设置解说

5.1 RectChr 之颜色细讲

A: RectChr 早期 颜色主要为 由三种颜色 (开始 中间 和结果) (`colormap_low_color` `colormap_mid_color` `colormap_high_color`) 和等分数 (`colormap_nlevels`) 分配颜色的

```
#colormap_nlevels=3
#colormap_low_color = "#006400"
#colormap_mid_color = "#FFFF00"
#colormap_high_color = "#FF0000"
```

最低值对应的颜色
中间值对应的颜色
最高值对应的颜色

B: 但后期 很多颜色的配置画板。在各层提供了两个参数 `colormap_brewer_name` 和 `colormap_reverse` 的功能。其中也保留了之前之 三色渐变的功能。

在设了 `colormap_brewer_name` 则三色渐变 就不起作用。

在没有设 `colormap_brewer_name` 的情况下，设置 三色渐变 (`colormap_low_color` `colormap_mid_color` `colormap_high_color`) 时才启动之前的颜色。

B.1 面板内置了 RColorBrewer 的面板，其的主页在这：[R Color Brewer's palettesR](#)

RColorBrewer 也提供了可视化的网址：[Color Advice for Maps](#)

其关键词如下，对应的颜色条如下：



```

"BrBG", "PiYG", "PRGn", "PuOr", "RdBu", "RdGy", "RdYlBu", "RdYlGn", "Spectral"
"Accent", "Dark2", "Paired", "Pastel1", "Pastel2", "Set1", "Set2", "Set3"
"Blues", "BuGn", "BuPu", "GnBu", "Greens", "Greys", "Oranges", "OrRd", "PuBu", "PuBuGn", "PuRd", "Purples", "RdPu", "Reds",
"YlGn", "YlGnBu", "YlOrBr", "YlOrRd"
"BrBG", "PiYG", "PRGn", "PuOr", "RdBu", "RdYlBu", "Dark2", "Paired", "Set2", # 默认为 GnYlRd 绿黄红

```



B.2 其中上面的 `colormap_brewer_name=xx`, 在 1.42 之前 xx 原来只能是 **Rcolorbrewer** 的关键名(`Set3` `Dark2` ...这些), 现在只要在程序的 ColorsBrewer 目录里面放一个文件(如 `bs5`) 颜色系列放进去, 然后 `colormap_brewer_name=bs5` (即可以自定义颜色面板)。`bs5` 如下格式。现在已经将 ggsci 相关的配色处理好在 ColorsBrewer 目录了。

```

NewParaList.xlsx Scene_Usage
(base) liaojing@node1:/home/liaojing/07.tmp/RectChr-1.42
$ ls ColorsBrewer/
aaas      d3          gsea    locuszoom   primer    tron
atlassian flatui     igv      material    rickandmorty tw3
bmj       frontiers   jama    nejm      simpsons  uchica
bs5       futurama   jco     npg      startrek  ucscgb
cosmic    get_colors.pl lancet observable tmp
(base) liaojing@node1:/home/liaojing/07.tmp/RectChr-1.42
$ head ColorsBrewer/bs5
#f8f9fa
#e9ecf
#dee2e6
#ced4da
#adb5bd
#6c757d

```

在 1.42 里面会多一个 ColorsBrewer 的目录
里面可以自定义颜色面板
如 bs5 文件里面格式如下

C: 其中 value 到 color 的映射, 程序先根据 value 按数值还是 ascii 码自动排序(也可以人为指定)等分(可以限制最大最小值等相关参数)应对到 color 上。用户也可以的 global 通过 `colormap_conf = col.file` ## 自定义颜色映射文件路径, 用于指定 value 到 color 的映射关系, 即自定义颜色。格式如下:

```

Value1=red
Value2="#f8f9fa"
...

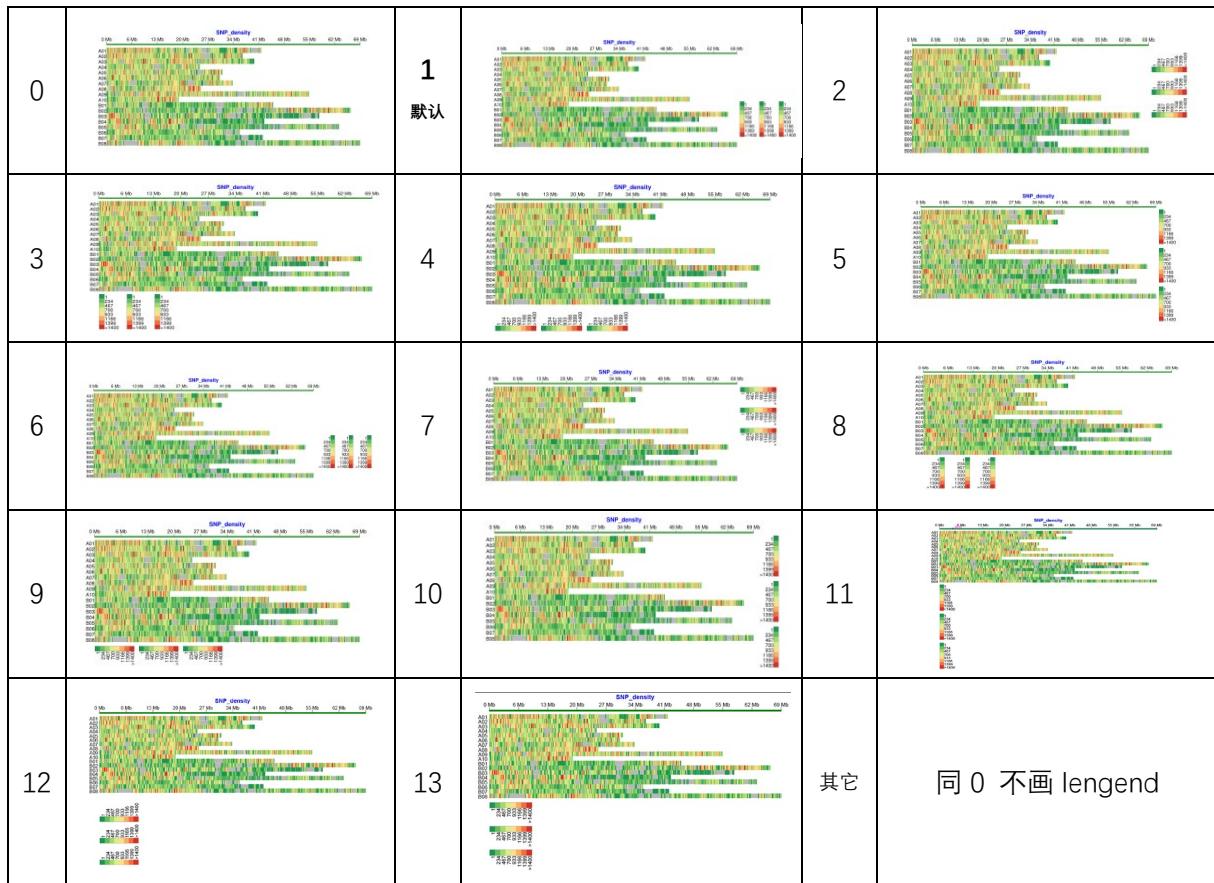
```

5.2 RectChr 之图例 legend 排布

1.41 之后的版本 多了一个参数 `colormap_legend_layout`, 默认值为 1, 可以 0-13 共 14 种选项, 画布根据图例个数会自动变化。其对应的排布如下:

值	图示	值	图示	值	图示
---	----	---	----	---	----





同时也添加了 colormap_gradient_gap 是前后两个图例的间隙。
而参数 colormap_legend_gap 是同一个图例上下两个 Flag 的间隙。

其中其他相关图例参数也可以用:colormap_legend_show/
colormap_legend_shift_x/colormap_legend_shift_y/colormap_legend_size

5.3 RectChr 之 chr 边缘曲度细讲

RectChr 在默认的情况下是 多等分边缘的，即是微弧度。大约如下画



在对应的层下 `bg_end_arc=0` 时即取消了这个弧度，变成如下：

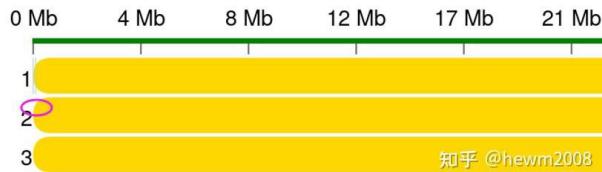


然此时有人说问如何实现大弧度。如下的

其实可以调的，上面默认三等分边缘，其实改为二等分，即为半圆，用上隐藏参数
`bg_end_arc_division = 2`（最小值只能为 2，极大值就是 `bg_end_arc = 0` 了）后如下



然用户对比上面的，当在 10bp 时，画竖线发现打穿了这个半圆。如下所示

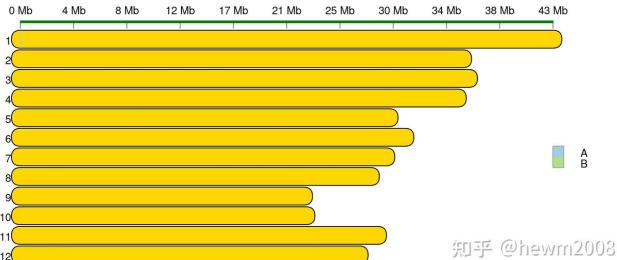


经对比，发现要的示例图，其实其半圆是不计在坐标体系里面的。经要求，在 1.30 的添加了新的隐藏参数 `bg_end_offset = 1` 时，即可以把这个半圆画在坐标系体外面，这样就不会打穿了。其中 `bg_end_offset = 1` 只在 chr 坚向排列时才起作用。



`bg_end_arc_division = 2` 同时中 `bg_end_offset = 1`

好了，这回再加上 `bg_stroke_width = 2` 背景连缘的宽度和背影边颜色
`bg_stroke_color=black` 可以得到如下



5.4 RectChr 之 X 坐标轴 细讲

X 坐标轴相关参数：

```
#xaxis_tick_show=1          ## bool 0-1      X 轴是否显示
#yaxis_tick_show=0          ## bool 0-1      Y 轴显示

#axis_tick_unit             ## 文本，为了自定义 如 kb bp cm Mb    坐标轴刻度单位，自动判断
#axis_text_angle=0           ## 整数 (-360,360) 坐标轴文本角度

#axis_tick_num=10            ## 整数坐标轴刻度数量
#axis_tick_interval          ## 整数坐标轴刻度间隔，如每 10M 一个间隔，若启动 axis_tick_num 失效
#axis_tick_precision         ## 整数坐标轴刻度精度，自动判断
#xaxis_shift_y               ## 数值X轴垂直偏移量
```

取消坐标体系，在 global 下有一个等份坐标数的参数（默认 10），将这一个改为 负 1
【`axis_tick_num = -1`】 or `xaxis_tick_show=0` 均可以取消坐标轴。



若 MaxChr 长度 111M 分 10 分的话，则为 0 11 22 ..能不能以 自定义 20 M 的（自定义梯度）， global 下 添加了 `axis_tick_interval` 的参数，即在 global 下加上 `axis_tick_interval = 20000000` 即可（另外 `axis_text_angle=` 旋转也可以用，隐藏参数）
默认坐标系的是按最长 chr 长度 34M 10 等份的结果图如下：



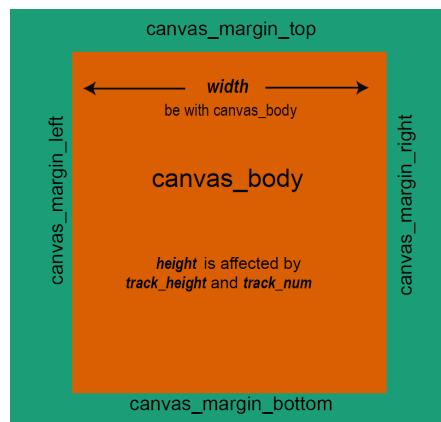
若在 global 添加了 `axis_tick_interval=5000000` 后变成如下：



5.5 RectChr 之画布设置

画布的相关参数在这：

```
#canvas_body = 1200          ## 主画布大小, 默认值为 1200
#canvas_margin_top = 55       ## 画布上边距, 默认为 55
#canvas_margin_bottom = 55     ## 画布下边距, 默认为 25
#canvas_margin_left = 100      ## 画布左边距, 默认为 100
#canvas_margin_right = 120     ## 画布右边距, 默认为 120
## canvas_width_ratio=1.0      ## 画布 width 的缩放比例
## canvas_height_ratio=1.0      ## 画布 height 的缩放比例
```



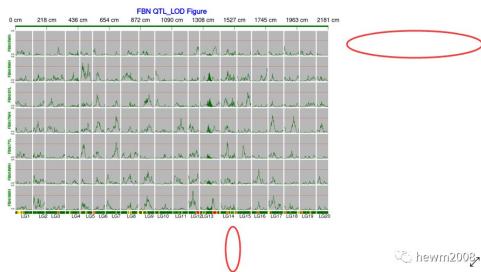
有时由于左边 chr 的名称过长，导致无法显示全，如下



可以将 `canvas_margin_left` 设大些即可以解决。

`# canvas_height_ratio =1.0` 和 `# canvas_width_ratio =1.0`

其实可以理解截掉下面的空白和 右边的空白。



在多层时 `colormap_legend_show=0` 即不显示各层的图例，这种情况下常右边会空出一大片空白(1.41 后的版本不会再留白了)。如下图，共 8 层，各层都取消了渐变条，所以画布有最右边和最左边有很多空白的。所以在 global 下加多两行

```
canvas_height_ratio =0.8
canvas_width_ratio =0.7
```

即基高度缩小到原来的 0.8;Width 为原来的 0.7；

当然，画图时有小部分图例被挡住，只要对应的这两个参数调大于 1 即可；

6. 下载与安装

6.1 下载网址

持续更新在这：<https://github.com/hewm2008/RectChr> 下载时记得[加个星星](#)哦

6.2 预先安装

RectChr 适用于 Linux/Unix/macOS 系统。在安装之前，请先安装以下使用条件：

- 1) Perl: Perl 内的模块 [SVG.pm](https://metacpan.org/release/SVG) (<https://metacpan.org/release/SVG>)。可以预先安装。尽管我们安装包已经内置了 SVG.pm 包了
- 2) [convert](#): 系统命令，可以将 svg 转 png。莫有也无关系，有则更佳

6.3 安装

使用者可采用以下直接 chmod 755 运行 (linux/MacOS)：

```
git clone https://github.com/hewm2008/RectChr
cd RectChr ; chmod 755 -R bin/*
./bin/RectChr -h # 直接运行
```



7. 用法和参数说明

7.1 RectChr 参数

程序 RectChr 很简单，一个输入和一个输出。具体如下。

```
[heweiming@cngb-ologin-25 bin]$ ./bin/RectChr
Version:1.42          hewm2008@gmail.com

Options

-InConf      <s> : Input Configuration File
-OutPut      <s> : OutPut svg file result

-help        : Show more help with more parameter
```

-InConf 输入文件 配置好的文件

-OutPut 输出文件, out.svg

-help 具体见配置参数

其中程序会对输入的配置文件进行简单的检测，若异常的配置如文件格式和行数 不符合时会报异常，麻烦检查.可以根据提示进行相应的修改。

7.1.1 主要配置参数

`SetParaFor` 是设置参数 可以是 `global` 全局变量 `ALL` 是所有层都起作用 `trackX` 是对 X 层的参数
配置文件主要参数解释有如下几个

序号	示例	解析说明
参数 1	<code>FileN = /path/in.data</code>	(N=1,2,3...) 输入的是第 N 个文件的路径
参数 2	<code>Plot_type = heatmap</code>	[关键词中的一种: <code>heatmap/ highlights/LinkS/ pairwiselink/ histogram/hist/ scatter/ point/shape/text/line/lines/heatmapAnimated</code> 和 <code>histAnimated</code> , 即共有 13 种画法] 若不是关键词，则不画，仅背景条 (各个作图方式详细看前面 3.作图方式示例)
参数 3	<code>show_columns = File1:8 File2:5,6</code>	某一文件的第 X 列作为统计量



--	--	--

一些其它重要的参数见下面截图,

参数级别	参数	重要性	字样	简说明	详说明
track	colormap_low_color	**	文本,颜色	渐变起始颜色	确定绘图中渐变效果的起始颜色
track	track_geom_shape	**	整数 (0-13)	形状类型	确定绘图中所使用形状的类型,如圆形,方形等
track	link_direction	**	文本,特定字符	上下样式	定义绘图中元素上下部分的样式
track	link_linestyle	**	文本,特定字符	线条类型	定义绘图中线条的类型,如实线、虚线等
track	chr_scale_ratio	***	浮点,比例,可大于1	染色体长度比例	控制染色体长度相对于某个基准长度的比例值
global	title	***	文本	主题文本内容	定义绘图主题的文字内容,如标题等
track	log_p	***	bool 0-1	对数 P 值	可能用于处理以对数形式表示的 P 值
track	cap_max_value	***	数值	上限值	设定一个上限值,用于限制数据的显示范围
track	cap_min_value	***	数值	下限值	设定一个下限值,用于限制数据的显示范围
track	Ymin	***	数值	最小值	确定绘图数据中的最小值
track	Ymax	***	数值	最大值	确定绘图数据中的最大值
track	padding_ratio	***	浮点,比例,可大于1	面板分隔比例	控制面板之间的分隔距离,以比例形式表示
track	track_height	***	整数	面板高度	设定绘图中面板的高度
track	label	***	文本	面板名称	定义绘图中各个面板的名称
global	colormap_conf	***	文本,文件路径	颜色配置	对绘图中涉及的各种颜色进行统一配置,如线条颜色、填充颜色等
global	chr_order	****	文本: chr01,chr02...	染色体顺序	规定染色体在画布上的显示顺序
track	chr_order	****	文本: chr01,chr02...	染色体顺序	规定在该级别下染色体的显示顺序
global	chr_zoom_region	****	文本,文件路径	染色体区域缩放	对染色体特定区域进行缩放操作,以便更清晰地查看细节
track	colormap_brewer_name	****	文本,特定字符	布鲁尔调色板	提供一组预定义的颜色组合,用于绘图中的颜色配置
track	colormap_levels	****	整数	图例渐变数量	确定图例中渐变的数量
global	chr_orientation	*****	特定字符 水平或纵向	染色体排列方向	确定染色体在画布上的排列方向,如水平或垂直排列等
track	plot_type	*****	文本,特定字符	P 值类型	定义 P 值的类型,如不同的统计检验得到的 P 值类型
track	show_columns	*****	文本,特定字符,如Fil	显示列	确定绘图中需要显示的列
global	track_num	*****	整数	面板数量	确定绘图中面板的数量

7.1.2 其它配置参数

开放所有相关参数,很多是默认的,但也可以列

参数过多 见 excel 详情

chr_label_shift_x	chr_label_shift_x	整数	染色体名称水平偏移量	调整染色体名称文本在水平方向上的位置
chr_label_shift_y	chr_label_shift_y	整数	染色体名称垂直偏移量	调整染色体名称文本在垂直方向上的位置
chr_order_reverse	chr_order_reverse	bool,有则反	反转染色体顺序	将染色体的显示顺序进行反转
axis_tick_unit	axis_tick_unit	文本,为了自定义如kb bp cm	坐标轴刻度单位	設定坐标轴上刻度的单位,用于确定刻度值的间隔
axis_tick_show	axis_tick_show	整数 (360,360)	坐标轴文本角度	調整坐标轴上文本的显示角度,使文本显示更加清晰或符合特定布
axis_tick_break	axis_tick_num	bool 0-1		
axis_shift_y	xaxis.shift_y	整数	坐标轴刻度数量	确定坐标轴上刻度的数量
xaxis.tick_show	xaxis.tick_interval	整数	坐标轴刻度间隔	規定坐标轴上相邻刻度之间的数据间隔
xaxis.tick_show	xaxis.precision	数值	X 轴垂直偏移量	調整 X 轴坐标轴在垂直方向上的位置
xaxis.color	title_color	整数	X 轴精度精度	確定坐标轴刻度值的精度,即小数点后的位数等
xtitle.size	title_size	float,比例,可大于1	Y 轴显示	控制 Y 轴是否在绘图中显示
xtitle.shift_x	title_shift_x	整数	主题文本颜色	确定绘图主题文本的颜色
xtitle.shift_y	title_shift_y	整数	主题大小比例	控制绘图主题元素的大小,以比例形式呈现,影响主题元素在绘
这个参数不对外公开 内置的	这个参数不对外公开 内置的	整数	主题水平偏移量	控制绘图主题元素在水平方向上的偏移位置
as_flag	as_flag	整数	主题垂直偏移量	控制绘图主题元素在垂直方向上的偏移位置
upper_outlier_ratio	upper_outlier_ratio	文本,肯定字符	是否为数字	可能用于判断某个元素或数据是否为数字类型
lower_outlier_ratio	lower_outlier_ratio	浮点,比例(0-1)	标志	可作为作为一个标识,用于特定的逻辑判断或状态指示
rack_background_color	background_color	文本,颜色	上异常值比例	用于处理数据中高于某个阈值的异常值的比例
rack_background_show	background_show	bool 0-1	下异常值比例	用于处理数据中低于某个阈值的异常值的比例
rack_end_arc	bg_end_arc	bool 0-1		
rack_end_offset	bg_end_offset	bool 0-1	背景显示	控制背景是否在绘图中显示
rack_end_arc_division	bg_end_arc_division	整数	背景染色体末端曲线	用于设置背景染色体末端的曲线形状
rack_bg_height_ratio	track_bg_height_ratio	整数	末端曲线外扩	控制染色体末端曲线向外扩展的程度
rack_label_color	label_color	整数	末端曲线弧度	設定染色体末端曲线的弧度大小
rack_label_size	label_size	文本,颜色	背景比例	确定背景部分高度相对于某个基准高度的比例值
rack_label_angle	label_angle	文本,颜色	面板名称大小比例	确定面板名称文本的大小,以比例形式表示
rack_label_shift_x	label_shift_x	float (-360,360)	面板名称角度	設定面板名称文本的角度
rack_label_shift_y	label_shift_y	整数	面板名称水平偏移量	调整面板名称文本在水平方向上的位置
rack_colormap_reverse	colormap_reverse	bool,有则反	面板名称垂直偏移量	调整面板名称文本在垂直方向上的位置
rack_colormap_mid_color	colormap_mid_color	文本,颜色	反转布鲁尔调色板	对布鲁尔调色板中的颜色顺序进行反转
rack_colormap_high_color	colormap_high_color	文本,颜色	渐变中间颜色	为绘图中渐变效果指定中间的颜色
rack_colormap_legend_show	colormap_legend_show	bool 0-1	渐变结束颜色	确定绘图中渐变效果的结束颜色
			图例是否显示	决定图例中的渐变效果是否显示

SetParaFor =X 为设置各层 (X) 的一个 Flag 参数 global 是全局变量

ALL 是所有层都能管用,各层没有配置的话,则默认为全局(ALL)的参数。第 X 层,相当 circos 的第 X 个圈



下面列出一个示例 大家可以看后面##的解析

其中也提供有了更多参数，只是大家不常用到，就隐藏起来，如 X 轴坐标系的上移下移 global :*xaxis_shift_y*=0 等。若须要更多参数，可以反馈~ 程序设计时就考虑到随机加减参数。

```
#####
全局参数 #####
SetParaFor = global          ## 设置当前段落作用域为全局范围 (global)，适用于整个图形配置
File1 = ./InPut.file          ## 主数据文件路径,
#File2 =                      ## 可选的第二数据文件路径，用于多源数据叠加 FileX = ./InPut.fileX
#track_num =                  ## 指定绘图层数 (track 数量)，默认根据 File1 中的列数自动推断 (如 value1 到 ValueN)
#chr_spacing_ratio = 0.2       ## 不同染色体之间的间隔比例，基于 track 高度计算 (track_height * chr_spacing_ratio)
#title = "main_Figure"         ## 图形标题及其样式设置，支持 title_color、title_size、title_shift_x、title_shift_y 等参数
#colormap_conf = col.file     ## 自定义颜色映射文件路径，用于指定 value 到 color 的映射关系 (例如 P1 = "#FE0080")
#chr_orientation = horizontal ## 染色体排列方向，可选值为 horizontal (横向) 或 vertical (纵向)
#bg_end_arc = 1               ## 较少使用的参数，用于控制背景弧线等特殊效果

#####
global.染色体参数配置 #####
#zoom_region =                ## 缩放特定区域，格式为 chr:start:end (例如 chr2:1000:5000)
#chr_order =                  ## 指定染色体顺序或筛选显示的染色体列表 (未指定则按名称自动排序)
#chr_spacing_ratio = 0.2       ## 不同染色体之间的间隔比例
#chr_label_rotation = 0        ## 染色体标签文字旋转角度

#####
global.画布 和 图片 参数配置 #####
#canvas_body = 1200           ## 主画布大小，默认值为 1200
#canvas_margin_top = 55        ## 画布上边距，默认为 55
#canvas_margin_bottom = 25      ## 画布下边距，默认为 25
#canvas_margin_left = 100       ## 画布左边距，默认为 100
#canvas_margin_right = 120      ## 画布右边距，默认为 120
#canvas_angle = 0              ## 整个图形旋转角度，单位为度
#canvas_height_ratio=1.0       ## 收缩放画布的整体高度
#canvas_width_ratio=1.0        ## 收缩放画布的整体宽度

#####
ALL 默认各层的配置参数 若各层没有配置的会，则会用这儿的参数 #####
SetParaFor = trackALL         ## 设置所有 Track 的默认参数，后续未单独配置的 trackX 将继承这些设置
plot_type = heatmap            ## 支持的绘图类型有：heatmap (热力图)，line (折线图) 等共 13 种，具体这儿查看
#show_columns =                ## 指定要显示的列，如 File1:4 或 File2:4,5
#colormap_brewer_name =        ## 使用预设 Rcolorbrewer 调色板，例如 GnYlRd (数值) 或 Paired (文本)
#colormap_reverse = 0          ## 是否反转颜色渐变条 (0=正常，1=反转)
#colormap_low_color = "#006400" ## 最低值对应的颜色
#colormap_mid_color = "#FFFF00" ## 中间值对应的颜色
#colormap_high_color = "#FF0000" ## 最高值对应的颜色
#background_color = "#B8B8B8"   ## 背景颜色
#upper_outlier_ratio = 0.95    ## 定义顶部异常值阈值，高于此比例的值使用最高色
#lower_outlier_ratio = 0        ## 定义底部异常值阈值，低于此比例的值使用最低色
#Ymax =                         ## 手动设置当前层的最大值，覆盖自动计算结果
#Ymin =                         ## 手动设置当前层的最小值，覆盖自动计算结果
#cap_max_value =                ## 限制最大值上限
#cap_min_value =                ## 限制最小值下限
#colormap_nlevels = 8           ## 颜色渐变等级数量
#track_height = 20               ## 当前层的高度 (即轨道高度)
#track_bg_height_ratio = 1       ## 背景高度占 track_height 的比例 (0-1]
#log_p = 0                      ## 是否对数值进行 0-log10 转换 (0=否，1=是)
#padding_ratio = 0              ## 同一染色体内相邻 track 的垂直间距比例
#colormap_legend_sizeratio =    ## 渐变条尺寸比例收缩放
#yaxis_tick_show = 0             ## 是否显示 Y 轴刻度标签 (0=隐藏，1=显示)
#colormap_legend_show = 1        ## 是否显示颜色渐变条 (0=隐藏，1=显示)
#colormap_legend_shift_x = 0     ## 渐变条水平偏移量
#colormap_legend_shift_y = 0     ## 渐变条垂直偏移量
#chr_label_shift_x = 0           ## 染色体标签的横向偏移量
#chr_label_shift_y = 0           ## 染色体标签的纵向偏移量
#chr_label_size_ratio = 1.0      ## 染色体标签字体大小比例 (相对于默认值)
#track_shift_x = 0               ## track 层移动 X 值坐标
#track_shift_y = 0               ## track 层移动 Y 值坐标
```



```

#####
trackALL. 其它不常见的参数 #####
#text-font-size =          ## 文本字体大小设置
#track_text_size = 1.0      ## 文本字体大小比例 (相对于默认值)
#...
## 更多参数

#####
trackX 各层的参数, 继承 trackALL 所有参数 #####
#SetParaFor = track2       ## 开始处理第 2 层参数
#file2 =
#plot_type = hist          ## 可指定其他输入文件作为数据源
#show_columns = File2:5    ## 绘图类型: histogram (直方图)
#label = "Name"            ## 显示 File2 的第五列数据
#SetParaFor = track3       ## 当前层的标签及其样式设置 (label_size label_color ...)
#plot_type = lines          ## 绘图类型: 折线图 (lines)
#show_columns = File1:5,6   ## 显示 File1 的第 5 和第 6 列数据

```

7.2 输入文件

至少要输入一个数据文件。可以传多个文件，文件可以是压缩 **gz** 的格式，兼容 **gz**

```

File1=path1/in1.file
File2=path2/in2.file.gz
...
FileN=pathx/inX.file

```

其中 chr 的长度会根据这些文件的前三列信息自动判断。

7.2.1 数据文件(必须)

输入格式为文本格式, 同一个文件里 各行的列数须一致。确保相当确保前三列为固定格式。
在 Plot_type 文件格式如下:

【Chr 名 坐标 1 坐标 2 Flag1 Flag2 ...】

其中第一行若为 head 的话, 须以“#”开头. 其中软件不强制要求文件是有序, 但建议先对文件进行排序 (建议文件要先排序 sort -k 1,1 -k 2,2n)

4.2.2 配置颜色(可选)

程序提供了可选的输入文件, 非必须的, 即可以自己定义配置颜色的文件, 格式很简单, 颜色为 16 进制的 HTML 颜色

```

A="#F8F8F3"
B="#A3FF88"
C="#FFFFF"
...

```

#####
颜色和数值 对应关系 #####

在这也顺列强调说明一下: 在没有自定义颜色时, Value 对应的颜色 是根据 1 颜色的颜色画板 [ColorBrewer](#) 先自动分配颜色 (点击查看更多), 2 Value 的种数 和 2 等分颜色数 及 3 Value 的 Count 数目 以及 4 最大最小值, 自动按一定的规则分配。 [更多](#)
[详情点击这儿查看](#)



chr	Start	End	Flag(Value)
-----	-------	-----	-------------

若对应的 Flag 的数值 只出现 (如 1,2, 1e10…)，程序会自动把 Value 当成了数值 (as=numeric)来处理，若出现其它字母之类的，是当成字符串(as=factor)来处理。

为了方便大家理解，默认的划分规则

举例，打个比方

假设 9 等分颜色，共有 100 个 Flag, Flag 的统计频率如下

01:	10
02:	20
03:	20
04:	20
05:	20
06:	10
80:	4
84:	2
99:	4

那么

均为数值，会被视为 numeric 最大为 99 (也可由 YMax 传入)，最小为 01，也可由 YMin 传入)，

在 *upper_outlier_ratio =1* 时，

01-06 对应为 颜色 1; 80 和 84 对应颜色 8; 而 99 对应 颜色 9 .

当 *upper_outlier_ratio =0.95* 时，

84 和 99 共 6 方超过 5%，所以 84 和 99 对应最高的颜色 9， 01-05 对应为 颜色 1 ; 80 对应颜色 8；

均为字符串

若 Flag 出现非数值的字样，则视为字符串

其中若是数值，也可以通过隐藏参数 (**asFlag= factor**) 把数值视为字符串。

在 *upper_outlier_ratio =1* 时，

共 9 个值同，9 等分颜色，所以 一值对应一颜色 (按 ascii 码排)，即 01 为颜色 1, 02 为颜色 2… 99 为颜色 9

当 *upper_outlier_ratio =0.95* 时，

(按 ascii 码排) 最高的 84 和 99 共 6 方超过 5%，所以 84 和 99 共对应颜色 9，其它 7 个值，共 8 颜色，颜色决比字符串的种类多，即按 7 个值 7 等分颜色，后一个字符对应一颜色，最终为 共 8 种颜色。

另外更多背景颜色 (*background_color*) 信息,如 (取消只留下边圈) 的点击见这儿查看。



7.3 输出文件

输出文件	说明
<code>out.svg</code>	输出的 SVG 格式图
<code>out.png</code>	输出的 png 格式图

示例图见上面应用场景给的图

8. 实例

上面场景图都有实例，我这
具体数据格式和配置等见这：

`./bin/RectChr -InConf in.conf -OutPut out.svg`

这儿先提示了 8 个应用场景实例，配置文件和输入文件格式等，运行就只须要几分钟。

具体见 软件里面的 **Basic_Tutorials/example*** 和 **Scene_Usage/example*** 目录：

具体见程序目录里面的 example* 的数据和配置

在这搜索了一些在网上的其它人的配置和示意，点击可以找开网页，查看

RectChr 总简介

[RectChr 之 两个群体比较 之 受择选信号+选择区域](#)

[RectChr 之一个群体遗传多态](#)

[RectChr 之几种方法受选择区域](#)

[RectChr 之 两个群体比较 之 受择选信号+选择区域 横放 chr](#)

[RectChr 之 群体 sweep +QTLS+IBD 作图](#)

[RectChr 之 两个基因组共线性分析](#)

[RectChr 之 多个基因组\(3 或更多\)共线性分析](#)

[RectChr 之 多样品某一区域 genotype/gene/单倍型 热度图](#)

[RectChr 之 多样品多区域 binmap 热度图](#)

[RectChr 之 动态热度图和动态柱状图](#)

[RectChr 之 高级感的 GWAS 曼哈顿图](#)

更多实例 随时更新，见 website 网页，具体见这：

<https://github.com/hewm2008/RectChr> 里面的

其中也有很多文章发表了论文，也可以证明存在很多实例

≡ Google 学术搜索 rectchr

文章 找到约 62 条结果 (用时0.09秒)

9.优势

- 1 快速少内存 批量画图 瞬间出结果。
- 2 可以自定义各种参数，如 chr 层，可以自己颜色，定义高度，画图设计全开放与用户，可以应用在多种场景
- 3 应用场景广泛，应用场景多种多样，像 circos 一样，用户可以结合自己的数据画图。
- 4 免安装，使用方便
- 5 至少有 54 个引用了

≡ Google 学术搜索 rectchr github

文章 找到约 54 条结果 (用时0.11秒)

10.常见问题

10.1 RectChr 参数变化 凝问

RectChr 在 1.39 之前遇到很多需求，一直在不断更新功能和丰富参数中，但由于是断断续续，很多参数命名不统一，在 1.39 之后统一重新对参数进行切换，我们提供了切换的对应参数的关系表，另外为了方便老用户使用之前的配置，我们在 1.39 之中供 [ParaOld2New.pl](#) 可以将 old 配置转到新的配置中

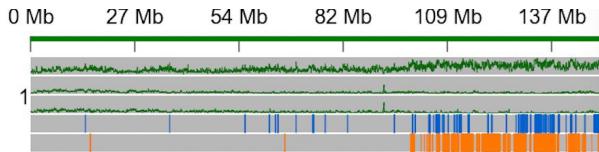
```
Perl  ParaOld2New.pl  in_old.conf  out_new.conf
```

10.2 坐标轴 取消 或者 自定义梯度

取消坐标体系，在 global 下有一个等份坐标数的参数（默认 10），将这一个改为 负 1 `【axis_tick_num =-1】 or xaxis_tick_show=0` 均可以取消坐标轴。具体见上面 RectChr 之 X 坐标轴 细讲



10.3 text 文本颜色 or hightline 等颜色自不想渐变？如何设



答：对应的 level 里面参数 `colormap_nlevels` 设为 3, 同时三色渐变参数改为同一颜色就行，如下：三者改为同一颜色就行

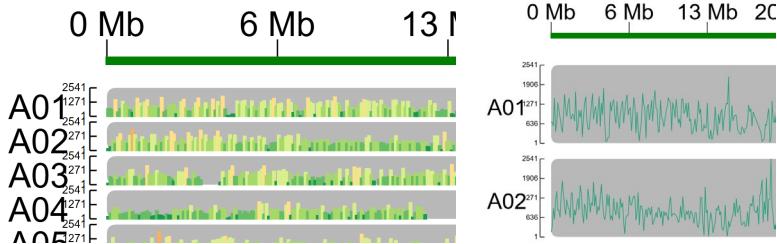
```
#colormap_nlevels=3  
#colormap_low_color = "#006400" ## 最低值对应的颜色  
#colormap_mid_color = "#FFFF00" ## 中间值对应的颜色  
#colormap_high_color = "#FF0000" ## 最高值对应的颜色
```

10.4 对 line, point 和 hist 等而言，可以画坐标轴的标吗？

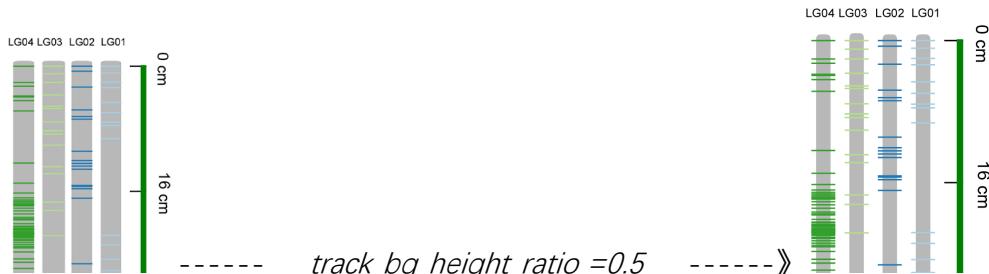
如上图 line 的左边能加上数值吗？

答：1.24 之后版本添加参数

```
yaxis_tick_show=0 ## 是否显示所有层的 Y axis 的起终点值,默认值此:0 不显示  
把对应的层 yaxis_tick_show=1 即,更多 yaxis_tic 属性见参数列表
```



10.5 画遗传图谱的 maker 如何打穿背景。



默认 这个背景 `bg_height` 的宽度和 `track_height` 是一样的，只要将改小些，`bg_height` 就会往中间缩

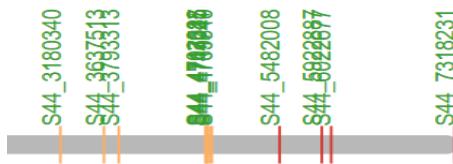
```
#track_bg_height_ratio = 1 ## 背景高度占 track_height 的比例 (0-1]
```

10.6 画 text 数据集中在同一区域，是如何解决文字重叠的问题。

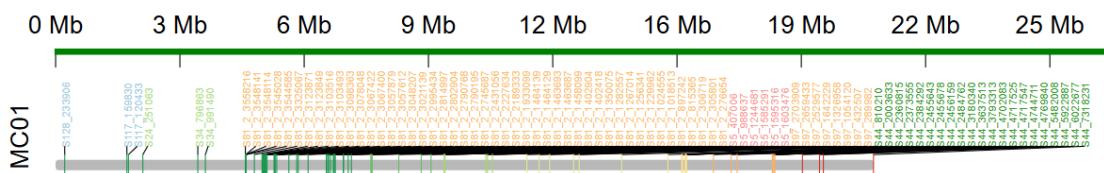
1.39 之后有新的参数，`track_text_overlap` 默认是 5，即不可以叠在一起同，一个区域最多只能画 5 个文字，多的就不画。如下



当设 `track_text_overlap=0` 可以叠，画全部，同时这条黑线也会取消掉。



其中也可以将 `track_text_overlap` 设为极大值，即会以不叠的形式列出所有的文件如 `track_text_overlap=10000` 后



10.7 chr 长度不对，or 要画全所有 chr?

RectChr 是根据前三列记录 chr 数目和长度的。有时只想标记 chr02 上面某几区域，正好 ch01 没有数据，RectChr 画时。

如 File1 只有一行：

chr02 5000000 10000000 Flag

那么直接画 chr01 是没有画，并 chr02 长度只会画到 10M。解决方案有 2：

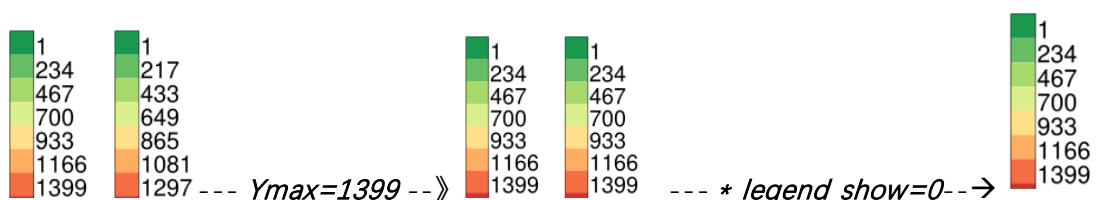
方案 1：添加 [File2 记录 chr 长度](#)，作图不用到 File2 就行

方案 2：在 File1 添加各 chr 的长度，同时 Flag 用 NA 替入 (RectChr 识别 NA 为不画符号)

10.8 统一图例的值

如画两个样品的 SNP 数图，由于不同数据放在不同的 track，最高值和最低值不一样，如何办，如下。通常做法，统一最高最低，在 ALL or 对应的 track 设同一 Ymax Ymin

. 同时可以取消一个(track2 设 `colormap_legend_show=0`)

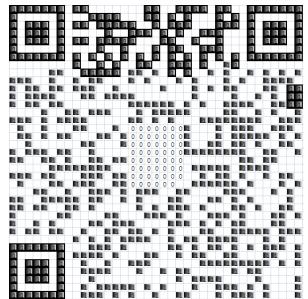


10.9 联系与打赏

随意 是缘是福，一切随风

- [✉ hewm2008@gmail.com](mailto:hewm2008@gmail.com) / hewm2008@qq.com
- join the **QQ Group : 125293663**

微信 打赏



QQ 入群: 125293663



微信公众号

